

UNIVERZITET U BEOGRADU
POLJOPRIVREDNI FAKULTET

mr Vesna A. Peri

**ANALIZA GENETI KE
DIVERGENTNOSTI GENOTIPOVA SOJE
NA OSNOVU MORFOLOŠKIH I
MOLEKULARNIH MARKERA**

doktorska disertacija

Beograd, 2015.

UNIVERSITY OF BELGRADE
FACULTY OF AGRICULTURE

MSc Vesna A. Peri

**ANALYSIS OF GENETIC DIVERSITY OF
SOYBEAN GENOTYPES BASED ON
MORPHOLOGICAL AND MOLECULAR
MARKERS**

Doctoral Dissertation

Belgrade, 2015.

UNIVERZITET U BEOGRADU
POLJOPRIVREDNI FAKULTET

MENTOR:

dr Gordana Šurlan-Momirovi , redovni profesor,
Poljoprivredni fakultet, Univerzitet u Beogradu

LANOVI KOMISIJE:

dr Tomislav Živanovi , redovni profesor
Poljoprivredni fakultet, Univerzitet u Beogradu

dr Snežana Mladenovi Drini , nau ni savetnik
Institut za kukuruz „Zemun Polje”, Beograd

dr Ana Nikoli , nau ni saradnik
Institut za kukuruz „Zemun Polje”, Beograd

dr Miroslav Zori , viši nau ni saradnik
Institut za ratarstvo i povrtarstvo, Novi Sad

Datum odbrane:

ZAHVALNICA

Koristim priliku da se zahvalim na prvom mestu dr Mirjani Srebri , rukovodiocu Grupe za oplemenjivanje soje Instituta za kukuruz „Zemun Polje”, na svesrdnoj pomo i i usmeravanjima, po evši od ideje za ovaj rad, izbora materijala i osmišljavanja strukture, preko pomo i u savladavanju svih tehni kih poteško a u toku izvo enja eksperimenta i kona no na svim dragocenim savetima u toku pisanja disertacije, pristupa nosti, razumevanju i uvek prisutnoj podršci i ohrabrenju.

Veliku zahvalnost dugujem mom mentoru, prof. dr Gordani Šurlan-Momirovi , na svim korisnim sugestijama, idejama, nesebi noj pomo i i podršci u realizaciji ove disertacije. Iskazujem zahvalnost i prof. dr Tomislavu Živanovi u na interesovanju i stru nim savetima u toku izrade disertacije. Veliku zahvalnost dugujem dr Snežani Mladenovi Drini , za veliku profesionalnost i kontinuirano pra enje mog rada, kao i sve sugestije i usmeravanja u toku realizacije eksperimentalnog dela disertacije.

Posebno se zahvaljujem dr Ani Nikoli , rukovodiocu dela eksperimenta koji se odnosio na molekularnu karakterizaciju, za veliko strpljenje, razumevanje i nesebi nu pomo koju mi je pružila u toku izvo enja, po evši od obuke za sprovo enje analize, preko tuma enja rezultata i pisanja disertacije.

Dr Miroslavu Zori u dugujem neizmernu zahvalnost za predano rukovo enje statisti kom analizom podataka, mnoštvo korisnih saveta i usmeravanja prilikom interpretacije rezultata, kao i za sva nova saznanja iz teorijskih osnova statisti ke analize, koja sam zahvaljuju i njemu stekla.

Mojim kolegama iz Grupe za oplemenjivanje soje zahvaljujem se na ozbiljnosti i požrtvovanom i vrednom radu prilikom izvo enja poljskih ogleda, laboratorijskih analiza i svim drugim vidovima pomo i u toku realizacije eksperimenta.

Posebno se zahvaljujem koleginicama iz Grupe za oplemenjivanje kukuruza specifi nih svojstava, koje su vredno pritekale u pomo prilikom ru ne vršidbe biljaka.

Hvala mojim prijateljima - Jasni, Bilji, Dušanu, Vesni, Mikiju, Bobanu i Dumanovi u koji su, svako na svoj na in, dali doprinos izradi ovog rada.

Kona no, najve u zahvalnost dugujem onima koji su uvek bili uz mene, pružaju i ljubav, razumevanje i podstrek – mojoj voljenoj porodici.

ANALIZA GENETI KE DIVERGENTNOSTI GENOTIPOVA SOJE NA OSNOVU MORFOLOŠKIH I MOLEKULARNIH MARKERA

mr Vesna A. Peri

REZIME

Soja je biljna vrsta koja se odlikuje izuzetno uskom geneti kom osnovom, nastalom kao rezultat samooplodnje, dugog procesa domestifikacije i vešta ke selekcije. Klju ni korak u održavanju diverziteta predstavlja evaluacija materijala pohranjenog u kolekcijama germplazme. Precizan opis germplazme je jedan od prvih uslova za njeno efikasno iskoriš avanje u oplemenjivanju. Cilj ovog rada bila je geneti ka i fenotipska karakterizacija i procena diverziteta 90 genotipova soje poreklom iz 15 zemalja sveta, uvanih u kolekciji Instituta za kukuruz “Zemun Polje”. Za potrebe fenotipske karakterizacije (ocena morfoloških deskriptora u skladu sa DUS protokolom i evaluacija agronomski zna ajnih osobina), genotipovi su klasifikovani prema dužini vegetacije i testirani u dvogodišnjim ogledima na dve lokacije. Molekularna karakterizacija 90 genotipova soje izvršena je primenom 21 SSR markera.

Analizom na osnovu 16 morfoloških deskriptora utvr en je visok nivo diverziteta ispitivanih genotipova, i identifikovani deskriptori najve e diskriminacione mo i. Struktura grupisanja dobijena analizom homogenosti (HOMALS) pokazala je visok stepen saglasnosti sa podacima o pedigreeu genotipova, i slabu saglasnost sa podacima o geografskom poreklu. Klaster analizom utvr ena je visoka konzistencija grupisanja genotipova u odnosu na pedigree. Analiza homogenosti bila je efikasniji metod za sagledavanje morfološke sli nosti genotipova, obezbe uju i ve i stepen razdvajanja genotipova i identifikuju i osobine sa najve im doprinosom u razlikovanju genotipova.

Varijabilnost ve ine agronomski zna ajnih osobina bila je najve im delom rezultat delovanja faktora spoljašnje sredine, dok se manji deo varijacije pripisuje efektima genotipa i interakciji genotip \times spoljašnja sredina. Najmanja geneti ka distanca izme u genotipova dobijena je na osnovu agronomskih osobina. Na osnovu klaster analize i analize glavnih komponenti utvr en je identit an model grupisanja genotipova prema sli nosti agronomskih osobina. Struktura grupisanja bila je visoko saglasna podacima o grupi zrenja, iako dužina vegetacije nije bila uklju ena u analizu, potvr uju i da grupa zrenja predstavlja najbolji indikator diverziteta genotipova soje na osnovu agronomskih osobina. Grupisanje genotipova bilo je u izvesnom stepenu

saglasno sa pedigree podacima, dok se geografska struktura grupisanja nije mogla utvrditi ni u jednoj od dve navedene analize.

Multivarijacionom analizom u okviru svake grupe zrenja identifikovani su genotipovi superiorni za veći broj agronomski značajnih osobina. Analizom interakcije genotip \times spoljašnja sredina za prinos zrna, sadržaj ulja i sadržaj proteina u zrnu utvrđeni su genotipovi iznad prosečne vrednosti i zadovoljavajuće stabilnosti osobine, koji predstavljaju moguće roditeljske komponente za buduće programe oplemenjivanja.

Molekularnom analizom utvrđeno je visok polimorfizam SSR lokusa. Struktura grupisanja pokazala je visok nivo saglasnosti sa pedigree podacima, a u određenoj meri i geografskim poreklom genotipova. Analiza molekularne varijanse pet geografskih grupa genotipova pokazala je da se nizak, ali visoko signifikantan udeo varijacije pripisuje razlikama između grupa. Kanadski genotipovi ispoljili su signifikantnu diferencijaciju u odnosu na ostale geografske grupe. Domaći genotipovi nisu se značajno genetički diferencirali od grupe američkih i grupe evropsko-evroazijskih genotipova.

Utvrđena je značajna korelacija između matrica udaljenosti dobijenih SSR markerima i morfološkim deskriptorima, nesignifikantna korelacija matrica udaljenosti na osnovu SSR markera i agronomskih osobina i visoko značajna korelacija između matrica udaljenosti na osnovu morfoloških deskriptora i agronomskih osobina, ukazujući da su proučavane fenotipske osobine slabo reflektovale genetičke relacije između genotipova utvrđene na osnovu 21 SSR markera. Istovremeno, svaki od tri proučavana tipa markera obezbedio je različite ali komplementarne informacije o genetici koje divergentnosti genotipova soje, pokazujući i saglasnost sa pedigree podacima. Za precizniju karakterizaciju na molekularnom nivou i veću saglasnost informacija o genetici i fenotipskom diverzitetu soje preporučuje se upotreba većeg broja markera, povezanih sa lokusima kvantitativnih i kvalitativnih fenotipskih osobina.

Ključne reči: soja, diverzitet, morfološki deskriptori, agronomski značajne osobine, SSR markeri

Naučna oblast: BIOTEHNIČKE NAUKE

Užana naučna oblast: GENETIKA

UDK broj: 635.655:631.527(043.3)

ANALYSIS OF GENETIC DIVERSITY OF SOYBEAN GENOTYPES BASED ON MORPHOLOGICAL AND MOLECULAR MARKERS

MSc Vesna A. Peri

ABSTRACT

Soybean is a plant species characterized by an extremely narrow genetic base, due to a self-pollination, a long process of domestication and artificial selection. A key phase in maintaining diversity is the evaluation of accessions available in germplasm collections. An accurate description of germplasm is one of the first requirements for its efficient use in breeding. The aim of this study was to conduct a genetic and phenotypic characterization of 90 soybean genotypes from 15 countries, maintained in Maize Research Institute "Zemun Polje" soybean collection, and assess their diversity. For the purpose of phenotypic characterization (morphological description according to DUS protocol and evaluation of agronomically important traits), genotypes were classified in groups regarding maturity, and tested in a two-year trials at two locations. Molecular characterization of 90 soybean genotypes was performed using 21 SSR markers.

Analysis based on 16 morphological descriptors showed high level of diversity among genotypes, and identified the descriptors with highest discriminatory power. Grouping model derived by homogeneity analysis (HOMALS) showed higher level of congruence with pedigree data, and weak agreement with information on geographical origin of genotypes. Cluster analysis showed high consistency of grouping pattern with respect to pedigree. Homogeneity analysis proved to be a more efficient method for understanding a model of similarity among genotypes according to morphology, providing a higher-degree separation of genotypes and highlighting the traits with the greatest contribution to variety differentiation.

For the majority of agronomically important traits, variability was mainly due to the environmental conditions, while the small portion of variation has been attributed to the effects of genotype, and genotype x environment interaction. The smallest genetic distance was determined on the basis of agronomic traits. Cluster analysis and principal component analysis identified identical pattern of genotype grouping based on similarity of agronomic traits. Grouping pattern highly corresponded to genotype affiliation to maturity group, although the length of the growing season was not included in analysis, confirming that the maturity group is the best indicator of agronomic diversity of

soybean genotypes. Clustering of genotypes was consistent with pedigree data to some extent, while geographical structure of grouping could not be identified in any of the two above analysis.

Multivariate analysis identified genotypes superior for a number of agronomically important traits within each maturity group. Genotype \times environment interaction analysis for grain yield and protein and oil content revealed genotypes with good stability and above average trait values, highlighting their potential value in a future breeding programs.

Molecular analysis revealed a high polymorphism of SSR loci. Grouping structure showed a high level of agreement with pedigree data, and, to a certain extent, geographical origin of genotypes. Analysis of molecular variance for five geographical groups of genotypes showed that low, but highly significant portion of variation was attributed to differences between groups. Canadian genotypes were significantly differentiated from all observed geographical groups. No significant genetic differentiation between domestic and USA group of genotypes was observed, as well as between domestic and European-Euroasian group of genotypes.

Significant correlation was determined between SSR-based distance matrices and matrices based on morphological descriptors, non-significant correlation between SSR-based distance matrices and matrices based on agronomic traits, and highly significant correlation between distance matrices of morphological descriptors and agronomically important traits, suggesting that studied phenotypic traits poorly reflected genetic relationships among genotypes determined by application of 21 SSR markers. Each of three studied marker types provided different but complementary information on genetic diversity of soybean genotypes, showing agreement with pedigree data. For a more precise molecular characterization and a better congruence of information on genetic and phenotypic diversity, application of larger number of markers associated with loci of qualitative and quantitative phenotypic traits is recommended.

Key words: soybean, diversity, morphological descriptors, agronomically important traits, SSR markers

Scientific field: BIOTECHNICAL SCIENCES

Specific scientific field: GENETICS

UDC number: 635.655:631.527(043.3)

SADRŽAJ

1. UVOD	1
2. PREGLED LITERATURE	3
2.1. Poreklo i širenje soje	3
2.2. Sužavanje geneti ke osnove soje	4
2.3. Geneti ki resursi soje	6
2.4. Evaluacija i koriš enje germplazme soje	8
2.5. Fenotipske osobine u proceni diverziteta	9
2.5.1. Varijabilnost morfoloških deskriptora	11
2.5.2. Varijabilnost agronomski zna ajnih osobina	18
2.6. Molekularni markeri u proceni diverziteta	26
3. NAU NI CILJ ISTRAŽIVANJA	31
3.1. Ciljevi istraživanja	31
3.2. Radna hipoteza	32
4. MATERIJAL I METODE RADA	33
4.1. Biljni materijal.....	33
4.2. Poljski ogled	37
4.2.1. Morfološki deskriptori	39
4.2.2. Agronomski zna ajne osobine	41
4.3. Karakterizacija genotipova soje molekularnim markerima	42
4.4. Statisti ka analiza podataka.....	44
4.4.1. Analiza podataka dobijenih morfološkom deskripcijom	44
4.4.2. Analiza podataka dobijenih evaluacijom agronomskih osobina	46
4.4.3. Analiza podataka dobijenih molekularnom karakterizacijom.....	50
4.4.4. Saglasnost matrica udaljenosti dobijenih na osnovu tri tipa podataka.....	53
4.4.5. Programi koriš eni za analize podataka	53
5. REZULTATI I DISKUSIJA	54
5.1. Varijabilnost morfoloških deskriptora i divergentnost genotipova soje	54
5.1.1. Distribucija i diverzitet morfoloških deskriptora	54

5.1.2. Analiza homogenosti (HOMALS) genotipova soje na osnovu morfoloških deskriptora	60
5.1.2.1. Diskriminaciona mo deskriptora.....	61
5.1.2.2. Grupisanje genotipova soje na osnovu HOMALS analize	63
5.1.3. Klaster analiza genotipova soje na osnovu morfoloških deskriptora.....	67
5.2. Varijabilnost agronomskih osobina i divergentnost genotipova soje	72
5.2.1. Deskriptivni statisti ki pokazatelji agronomskih osobina.....	72
5.2.1.1. Analiza varijanse mešovito modela	72
5.2.1.2. Vrednosti genotipova i zna ajnosti razlika genotipova u grupama zrenja	80
5.2.1.3. Razlike grupa zrenja za agronomske osobine.....	88
5.2.2. Me uzavisnost osobina po grupama zrenja	98
5.2.3. Prikaz paralelnih koordinata	108
5.2.4. Multivarijacione metode u analizi grupisanja genotipova na osnovu agronomskih osobina	111
5.2.4.1. Multivarijaciona analiza agronomskih osobina i genotipova po grupama zrenja	111
5.2.4.2. Multivarijaciona analiza agronomskih osobina i genotipova svih grupa zrenja..	121
5.2.4.3. Klaster analiza	123
5.2.5. Analiza interakcije genotip \times spoljašnja sredina za najvažnije agronomske osobine primenom linearno-bilinearnog AMMI-1 modela	127
5.2.5.1. Prinos zrna	129
5.2.5.2. Sadržaj proteina	139
5.2.5.3. Sadržaj ulja	147
5.3. Geneti ka divergentnost genotipova soje na osnovu SSR markera.....	157
5.3.1. Polimorfizam SSR lokusa	157
5.3.2. Klaster analiza.....	159
5.3.3. Analiza glavnih koordinata (PCoA).....	164
5.3.4. Analiza molekularne varijanse.....	166
5.4. Saglasnost rezultata morfološke deskripcije, evaluacije agronomskih osobina i molekularne karakterizacije genotipova soje	171
6. ZAKLJU AK.....	178
7. LITERATURA	184
8. PRILOG.....	217

1. UVOD

Kao jedna od najstarijih gajenih biljnih vrsta u svetu, soja se gaji više od 4000 godina. Značaj soje proizilazi iz kvaliteta njenog zrna, koje sadrži 17-22% ulja i 24-55% proteina sa visokim sadržajem esencijalnih amino-kiselina. Sa razvojem prerađivačke industrije i pojavom novih načina upotrebe sojinog zrna, površine pod sojom i u Srbiji rastu, dostižu i 159 724 ha, sa prosečnim prinosom 2,42 t/ha (FAO, 2013).

Postizanje visokog i stabilnog prinosa je primarni zadatak oplemenjivanja soje (Orf i sar., 2004; Sebastian i sar., 2010). Kao rezultat oplemenjivanja na prinos, ali i genetičkog poboljšanja otpornosti na patogene, različite tipove abiotičkog stresa, poleganje, osipanje, efikasnije korišćenje svetlosti i nutrijenata, prinos soje izmeću 1930. i 2003. godine rastao je za oko 11-25 kg/ha godišnje (De Bruin i Pedersen, 2008). Iako prinos nastavlja da raste, postoji bojazan da bi plato prinosa uskoro mogao biti dostignut, što bi značajno ugrozilo svetsku proizvodnju hrane (Egli i sar., 2008). Dosadašnji oplemenjivački naponi doveli su do fiksacije velikog broja gena za prinos, pa su buduće strategije usmerene ka pronalaženju novih izvora varijabilnosti u okviru genetičkih resursa pohranjenih u svetskim kolekcijama.

Duga istorija domestifikacije, gajenja i oplemenjivanja dovela je do alarmantnog sužavanja genetičke osnove soje, smanjujući i mogućnosti za napredak u oplemenjivanju. Soja je prošla kroz nekoliko procesa erozije genetičkog diverziteta: rana domestifikacija u kojoj su nastale azijske lokalne populacije, introdukcija nekoliko lokalnih populacija u Severnu Ameriku i intenzivno savremeno oplemenjivanje (Hyten i sar. 2006; Tanksley i McCouch, 1997). Sužavanje genetičke osnove soja je tendencijom oplemenjivača da u kreiranju varijabilnosti po etničkim populacijama koriste biparentalna ukrštanja elitnih linija, u toj meri da se kompletan program oplemenjivanja soje u Severnoj Americi sveo na „jedan širi neformalni program rekurentne selekcije“ (Carter i sar., 2004). Savremene oplemenjivačke procedure, jak selekcionistički pritisak i selekcija na iste ciljeve, intenzivna agrotehnika, konkurencija između selekcionerskih ustanova i sistem registracije sorti dovode do gajenja malog broja lokalno-adaptiranih visoko-prinosnih sorti redukovanog genetičkog diverziteta i visoke međusobne uniformnosti. Time se povećava genetička ranjivost, tj. nesposobnost prevazilaženja abiotičkog i biotičkog stresa (Xu, 2010), što može imati devastirajuće posledice na ukupan svetski genofond soje, s obzirom na

pojavu novih rasa patogena i vrsta insekata, globalne klimatske promene i sve aktuelniji efekat staklene bašte (Iquiri i sar., 2010).

S obzirom da diverzitet *per se* nije predmet selekcije, on mora biti održavan i poboljšavan kako bi se osigurao napredak i dobit od oplemenjivanja (Spillane i Gepts, 2001). etiri klju na aspekta diverziteta su osnivanje, kolekcioniranje, evaluacija i koriš enje (Sneller i sar., 2005). Geneti ki diverzitet soje sadržan je u preko 150 000 uzoraka koji se uvaju u kolekcijama širom sveta. Od toga se mali deo raspoložive varijabilnosti od svega 1% koristi u prakti nim programima oplemenjivanja (Qiu i sar., 2011). Kriti ni korak u održavanju diverziteta predstavlja evaluacija germplazme u kolekciji, jer bez preciznog opisa pohranjenog materijala nema ni njegovog efikasnog iskoriš avanja u oplemenjivanju i nau nim studijama (Nelson, 2011). Sa oplemenjiva ke ta ke gledišta, nau ni izazov koriš enja resursa iz gen banke sastoji se u identifikaciji alela agronomski zna ajnih osobina kod genotipova u kolekciji i njihovoj akumulaciji u komercijalnim sortama (Sneller i sar., 2005).

Poznavanje geneti ke strukture i nivoa sli nosti pohranjenog materijala je od fundamentalnog zna aja za organizovanje radne kolekcije, identifikaciju divergentnih genotipova i izbor roditeljskih parova za ukrštanje (Bonatto i sar., 2006). Segregiraju e populacije dobijene iz ukrštanja geneti ki divergentnih roditelja imaju ve u geneti ku varijansu za prinos i ve u proporciju superiornih linija, nego populacije dobijene ukrštanjem geneti ki srodnih roditelja (Kisha i sar., 1997; Cornelious i Sneller, 2002; Barosso i sar., 2003; Sudari i sar., 2008, Mikel i sar., 2010).

Kolekcija genotipova soje Instituta za kukuruz „Zemun Polje“ obuhvata više od 400 genotipova podeljenih u dve subkolekcije (doma i i introdukovani uzorci). Do sada nije vršena sistematska i precizna evaluacija kao ni procena diverziteta kolekcije. Informacije o genotipovima uglavnom se svode na pasoške podatke, deskripciju nekoliko morfoloških osobina i podatke o prinosu. Informacije o oplemenjiva koj vrednosti, stabilnosti i adaptabilnosti genotipova i sveukupnom diverzitetu kolekcije su nepotpune, pa je potrebno izvršiti detaljnu analizu kolekcije u cilju njene efikasnije upotrebe. Dalji napredak u oplemenjivanju soje iziskuje intenzivnije iskoriš avanje postoje ih geneti kih resursa, a efikasna upotreba resursa zahteva integraciju znanja, odnosno kombinovanu primenu klasi nog oplemenjivanja i molekularnih tehnologija (Vratari i Sudari , 2008).

2. PREGLED LITERATURE

2.1. Poreklo i širenje soje

Soja je najvažnija zrnena mahunarka koja u globalnoj svetskoj proizvodnji zauzima četvrto mesto, posle pirinča, pšenice i kukuruza. Istovremeno, soja spada u najstarije useve na svetu sa istorijom gajenja dugom preko 4000 godina. Direktnim prekom gajene soje [*Glycine max* (L.) Merr.] smatra se divlja soja [*Glycine soja* Sieb&Zucc], koja naseljava udaljene habitate istoka Rusije, istočne Kine, Tajvana, Korejskog poluostrva i Japana (Lu, 2004). Morfološke, citogenetičke i molekularne analize kao i lingvističke, geografska i istorijska literatura pružaju usaglašene dokaze da je soja domestifikovana od divljeg pretka u 11. veku p.n.e (Broich i Palmer, 1980; Kollipara i sar., 1997, Hymowitz, 1990), ali o centru/centrima domestifikacije soje postoje različite teorije. Studije morfološkog i molekularnog diverziteta velike kineske kolekcije (Zhou i sar., 1998; Dong i sar., 2004; Li i sar., 2010a) utvrdjuju da je centar domestifikacije područje od juga do severa istočne Kine i dolina Žute Reke, potvrđuju i Vavilovljev koncept da je najveći diverzitet vrste upravo u njenom centru domestifikacije (Vavilov, 1992). Nasuprot prethodnim autorima, Guo i sar. (2010) su utvrdili da stare lokalne populacije sa juga Kine ispoljavaju najveću sličnost sa divljim genotipovima tog regiona, zaključuju i da se proces domestifikacije soje zapravo odigrao u južnoj Kini, u dolini reke Yangtze, odakle se soja dalje širila ka severu. Diseminacija iz primarnog centra porekla nastupila je u 1. veku p.n.e. kada je soja stigla u Koreju (sekundarni centar) da bi se od 1. do 16. veka se raširila u Japan, Vijetnam, Indoneziju, Indiju i Nepal (tercijarni centar porekla) (Hymowitz, 1990). Upoređuju i genetički diverzitet divljih genotipova iz Kine, Rusije, Koreje i Japana sa gajenim japanskim sortama, Kuroda i sar. (2009), iznose da je gajena soja najbliža japanskim divljim genotipovima, zaključuju i da je soja posebno i nezavisno domestifikovana u Japanu. Molekularna analiza ostrvskih populacija divlje soje sa izolovanih južno-korejskih ostrva otkriva da je ovo poluostrvo glavni centar diverziteta divlje soje i jedan od centara domestifikacije (Lee i sar., 2010). Iz Kine i Japana, soju su u drugoj polovini 18. veka u Evropu doneli misionari i mornari, gde se gajila u botaničkim baštama Francuske i Engleske (Singh i Hymowitz, 1999). U Americu soja je stizala u nekoliko navrata, preko sveštenika, botanikara i tadašnjih trgovaca semenom, ali je prvi kultivar koji i dalje postoji stigao krajem 19. veka (Bernard i sar, 1987).

2.2. Sužavanje geneti ke osnove soje

Geneti kom osnovom se smatra kompletan set ancesora koji doprinose populaciji za oplemenjivanje. Termin *ancestor* (predak) se odnosi na osniva ki izvor germplazme nepoznatog pedigreea (Gizlice i sar., 1994). Komponente geneti ke osnove su broj ancesora u osnovi i doprinos svakog od njih (Sneller i sar., 2005).

Nekoliko glavnih faktora je odgovorno za redukciju geneti kog diverziteta soje:

1. Soja je samooplodna biljna vrsta sa veoma malim procentom stranooplodnje, koji za *G.max* iznosi 1-2,5% (Ahrent i Caviness, 1994) a za *G soja* 2,4-19% (Fujita i sar., 1997). Samooplodnja vodi smanjenju diverziteta, s obzirom da prirodna selekcija protiv štetnih recesivnih alela (osipanje, dormantnost semena) vodi gubitku i drugih alela u populaciji koji su sa njima vezani (Hyten i sar., 2006, Vaughan i sar., 2007). Dok stranooplodnja donosi geneti ki polimorfizam, visoku heterozigotnost i brojne rekombinacije u svakom ciklusu reprodukcije, samooplodnja dovodi do drasti nog smanjenja rekombinacija i podeli potomstva na homozigotne linije (Allard, 1996).

2. Domestifikacija predstavlja evolucioni proces u kome se adaptiranost biljaka na promene sredina pove ava kroz vešta ku selekciju i rezultira stvaranjem gajenih vrsta (Peng i sar., 2011; Hyten i sar., 2006). Na evolucionom putu od divlje do gajene, soja je prošla kroz radikalne fenotipske promene. Divlja soja poseduje brojne agronomski nepoželjne osobine: tanko pleglo stablo, povijušav habitus, sitne mahune koje pucaju po sazrevanju, sitno i dormantno seme, listovi koji ne opadaju u sazrevanju, rano i neujedna eno sazrevanje. Pripitomljavanjem su favorizovani aleli osobina povezanih sa domestifikacijom tzv. *domestication related traits* (DRT's), od kojih je ve ina mapirana (Liu i sar., 2007). Najviše izmenjene osobine su dužina vegetacije, tip porasta stabla, veli ina semena, boja semenja e i osipanje (Broich i Palmer, 1980; Stupar, 2010), dok su se neke zna ajne karakteristike divlje soje- visok sadržaj proteina, tolerantnost na niske temperature, herbicide i stres soli- izgubile (Qiu i sar., 2011). Domestifikacija je dovela do akumulacije odre enih fenotipskih osobina *G.max* kroz odabir i zadržavanje agronomski poželjnih varijanti (Carter i sar., 2004; Vu i sar., 2013). Znatno ve i molekularni diverzitet *G. soja* (Li i Nelson, 2002; Xu i Gai, 2003; Kuroda i sar., 2009) ukazuje na sužavanje diverziteta u procesu domestifikacije. Hyten i sar. (2006) zaklju uju da je prilikom nastanka prvih azijskih lokalnih populacija od divljih srodnika 50% geneti kog diverziteta i 81% retkih alela *G.soja* izgubljeno,

uzrokuju i promene u 60% alelnih frekvencija. SNP sekvencioniranjem Lam i sar. (2010) pronalaze da je geneti ki diverzitet kineske divlje soje 1,6 puta ve i od diverziteta gajene i utvr uju 35% specifi nih alela u genomu divlje soje.

3. Osniva ki doga aji usled geografskog pomeranja mogu prouzrokovati „geneti ko usko grlo” (*bottleneck*) kada se ograni en broj lokalnih populacija koristi da introdukuje vrstu iz centra porekla u novi region gajenja i kada su te introdukcije osnova za dobijanje po etnog materijala (Hyten i sar., 2006). Male populacije sklone su gubljenju retkih alela ili alelnih kombinacija usled geneti kog drifta (Wright, 1965).

4. Vešta ka selekcija uti e na smanjenje diverziteta poga aju i lokuse ciljanih osobina ime se pove ava frekvencija poželjnih alela u populaciji, i gube neutralne sekvence u blizini alela koje favorizuje selekcija (Zhao i sar., 2015). Najve i selekcioni uticaj u prirodnoj i vešta koj selekciji soje imale su dužina fotoperioda i temperaturna suma (Qiu i sar., 2011), i taj model geografske varijacije još uvek dominira u kolekcijama i savremenim programima oplemenjivanja (Sneller i sar., 2005).

5. Ukrštanje u okviru elitnog materijala (lokalno-adaptirane linije sa najve om frekvencijom poželjnih alela) koji je naj eš e veoma srodan, poseban je problem u programima oplemenjivanja. Dok su se stare kineske sorte uglavnom razvile selekcijom iz lokalnih populacija, noviji podaci govore da je od 605 sorti stvorenih u Kini u poslednjih 20 godina, preko 86% rezultat hibridizacije izme u elitnih linija ili sorti (Qiu i sar., 2011). Koeficijent srodstva ameri kog i kanadskog komercijalnog materijala je pove an do vrednosti polusrodstva, pa bi se, ako takav trend potraje, moglo o ekivati 50% gubljenja diverziteta sadržanog u osniva kim genotipovima (Gizlice i sar., 1993).

6. Udruživanje manjih semenskih kompanija u korporacije i upotreba patentne zaštite sorti smanjila je razmenu materijala izme u njih (Burton i Miranda, 2013).

Iako su domestifikacija i vešta ka selekcija prouzrokovale eroziju geneti kog diverziteta, moderne sorte su zadržale 72% sekvenci prisutnih u azijskim lokalnim populacijama, uz gubljenje 79% retkih alela. Najve i uticaj na eroziju diverziteta imala je domestifikacija, dok je erozija usled osniva kih doga aja i oplemenjivanja najviše posledica geneti kog drifta zbog malog broja introdukovanih azijskih lokalnih populacija, a ne zbog vešta ke selekcije (Hyten i sar., 2006). Sli no zaklju uju i Zhao i sar (2015), utvrdivši da je rana domestifikacija (nastanak azijskih lokalnih populacija od divlje soje) odgovorna za 37,5%, a oplemenjivanje za svega 8,3% redukcije diverziteta.

2.3. Geneti ki resursi soje

Geneti ki resursi soje obuhvataju primarni i tecijarni fond, dok sekundarni fond kod soje ne postoji. Primarni fond (geni vrsta koje se uspešno ukrštaju sa gajenom daju i fertilno potomstvo) su uzorci gajene soje *G. max* (od starih lokalnih populacija do modernih sorti) i divlje soje *G. soja*, i zajedno ine više od 95% svetske germplazme roda *Glycine*. Tercijarni fond (geni srodnih vrsta koje se ukrštaju sa gajenom daju i nevijabilno potomstvo) su 23 višegodišnje divlje vrste roda *Glycine* (Sneller i sar., 2005), raširene u Australiji i južno-pacifi kim ostrvima (Lu, 2004), od kojih se jedino *G. tomentella* uspešno ukršta sa gajenom daju i fertilno potomstvo (Singh i sar., 1993).

Resursi u gen bankama klasifikovani su prema statusima: stare i savremene sorte, elitni oplemenjiva ki materijal (superiorne linije koje nisu prošle zvani na testiranja ali se koriste u hibridizaciji), genotipovi specifi nih svojstava (donori gena za razli ite vidove otpornosti, poboljššan nutritivni sastav zrna, fotoperiodsku insenzitivnost itd.), germplazma registrovana za potrebe istraživanja i oplemenjivanja (nosioci kombinovanih specifi nih svojstva, germplazma divergentnog pedigreea), lokalne populacije, izolinije, mutanti i divlji srodnici (Nelson, 2011; Vratari i Sudari , 2008).

Ukupni svetski genofond soje ini više od 170000 *G. max* uzoraka uvanih u više od 160 institucija u preko 70 zemalja sveta (Sneller i sar., 2005). Oko 47000 uzoraka su jedinstvene azijske lokalne populacije, koje ine glavni rezervoar geneti kog diverziteta gajene soje. Oko 11 000 uzoraka *G. soja* uva se u 24 kolekcije, dok su 23 predstavnika višegodišnjih *Glycine* vrsta pohranjene su u 9 svetskih kolekcija u vidu 3500 uzoraka (Sneller i sar., 2005).

Najve i svetski izvor germplazme soje je kineska kolekcija *Chinese National Soybean Gene Bank* (CNSGB), sa 23587 uzoraka gajene i preko 7000 uzoraka divlje soje (Qiu i sar., 2013). Najve i deo (60%) ine kineske lokalne populacije, 4,7% su moderne kineske sorte, dok introdukovani materijal ini samo 7% (Qiu i sar., 2011). Prema istraživanju Cui i sar. (2000a), kineski genotipovi vode poreklo od 339 ancesitora, od ega 190 ancesitora u estvuje u 80% geneti ke osnove, a ni jedan ne doprinosi više od 7% sveukupnoj geneti koj bazi. Pedigre analiza je pokazala da su kineske poboljšane sorte uglavnom nastale od kineskih lokalnih populacija i delom od severno-ameri kih sorti (Cui i sar., 2000b), i da introdukcije iz SAD i Japana ne ini više od 13% ukupnog broja ancesitora (Gai i sar., 1998). Ispituju i lokalne populacije, stare i savremene sorte

iz cele Azije, Kaga i sar. (2012) su utvrdili da kineska germplazma pokazuje najširu geneti ku i agro-morfološku varijabilnost. Ova kolekcija, osim što je najbrojnija i nema dominantne ancestore, stalno se proširuje, jer postoje izolovane lokacije u južnoj Aziji gde se jedinstvene primitivne sorte i dalje mogu prona i (Sneller i sar., 2005).

Druga najve a kolekcija je *United States Department of Agriculture - Soybean Germplasm Collection* (USDA-SGC) sa 17037 introdukcija *G.max*, 1178 uzoraka *G.soja*, 1003 uzorka višegodišnjih *Glycine* vrsta, 806 komercijalnih sorti, i oko 1000 izo-linija, mutanata i registrovane germplazme (Nelson, 2011). Analiza srodstva 258 ameri kih sorti soje registrovanih od 1947. do 1988. godine pokazuje da vode poreklo od 80 anastora (azijskih lokalnih populacija), pri emu svega 35 doprinosi 95% severno-ameri ke geneti ke osnove (Gizlice i sar., 1994). Pet kineskih starih sorti (Mandarin, Richland, S-100, Mukden i CNS) doprinose 43,9% geneti ke baze severnoameri kih sorti stvorenih do 1988. godine (Carter i sar., 2004).

Asian Vegetable Research and Development Centre (AVRDC) nalazi se na Tajvanu i sadrži oko 14 000 uzoraka; od toga je 40% dobijeno iz ameri ke kolekcije.

Japansku kolekciju *National Institute of Agrobiological Sciences Genebank* (NIAS-Gb) soje ini 11300 uzoraka doma ih i introdukovanih lokalnih populacija, sorti, eksperimentalnih linija i divlje soje (Kaga i sar., 2012). Geneti ku bazu japanskih sorti ine 74 anastora, pri emu samo 18 doprinosi 50% geneti ke osnove (Zhou i sar., 2000). Prethodni autori su utvrdili mali procenat kineske germplazme u savremenim japanskim sortama, kao i Li i Nelson (2001), navode i mogu nost da su se japanski genotipovi razvili iz malog broja introdukcija iz Kine koje su retke ili ak izgubljene iz sadašnjeg kineskog genofonda soje. Marker analize (Ude i sar., 2003) ukazuju da su geneti ki fondovi Kine i Amerike, kao i Kine i Japana jasno odvojeni, nezavisni izvori.

National Genebank of Rural Development Administration (NG-RDA) iz Koreje raspolaže sa oko 7000 uzoraka (Cho i sar., 2008). Poseban zna aj ima kolekcija divlje soje, jer se Koreja smatra centrom njenog geneti kog diverziteta (Lee i sar., 2010). Analizom primitivnih sorti iz Koreje, Kine i Japana, Li i Nelson (2001) su utvrdili da su korejski i japanski genotipovi jasno udaljeni od kineskih ali ne i me usobno, i da ispoljavaju manji diverzitet u odnosu na kineske. Lee i sar. (2011) su SSR analizom utvrdili da, uprkos postojanju protoka gena, kineski i korejski geneti ki fond predstavljaju dva jedinstvena izvora.

Brazilske kolekcije germplazme (*Centro Nacional de Pesquisa de Recursos Geneticos e Biotec. CENARGEN* i *Centro Nacional de Pesquisa de Soja EMBRAPA*) su novijeg datuma, i sadrže oko 9000 uzoraka. U genetici koj osnove brazilskih sorti, samo 14 anastora u estvuje sa 92,4%, od ega 4 kineska (CNS, S-100, Roanoke i Tokyo) imaju kumulativni relativni genetici ki doprinos 57,6% (Wysmierski i Vello, 2013).

Zna ajnu kolekciju germplazme soje predstavlja *N. I. Vavilov Institute of Plant Industry* u Sant Petersburgu, Rusija, sa oko 7000 uzoraka (Vishnyakova i Seferova, 2013), i *Institute for Agroecology and Biotechnology* u Ukrajini, sa oko 7000 uzoraka.

Evropske kolekcije obuhvataju kolekciju u Nema koj sa oko 3000 uzoraka (*Genebank, Institute for Plant Genetics and Crop Plant Research*) i Francuskoj (*Institut National de la Recherche Agronomique INRA*) sa oko 2000 uzoraka soje. Posebna subkolekcija formirana je od 301 genotipa („*INRA-collection*“) koji nisu registrovani u USDA kolekciji soje (Tavaud-Pirra i sar., 2009). Zna ajan deo uva se i u dve kolekcije u Rumuniji (oko 2500 uzoraka) kao i u okviru Instituta za ratarstvo i povrtarstvo, Novi Sad – oko 1200 uzoraka (Palmer i sar., 2011).

Kolekcija soje Instituta za kukuruz „Zemun Polje“ se sastoji od 278 genotipova introdukovanih iz 15 zemalja sveta i 175 genotipova sa podru ja bivše Jugoslavije. Deo kolekcije formiran je za vreme osnivanja Nacionalne banke biljnih gena bivše SFRJ, od 1989-1992. god. Funkcioniše kao radna kolekcija - materijal se koristi za formiranje po etnih populacija i razli ite vrste istraživanja. Seme se uva srednjero no, u komorama na -4°C, a regeneracija obavlja nakon dobijanja podataka o klijavosti. Kolekcija obuhvata genotipove u rasponu od 000 do V grupe zrenja (pretežno 0 i I).

2.4. Evaluacija i koriš enje germplazme soje

Sistematska i precizna evaluacija germplazme je preduslov za njeno efikasno koriš enje u istraživa kim i oplemenjiva kim programima (Nelson, 2011). Evaluacija prvenstveno predstavlja opis agronomski zna ajnih osobina i deskriptivnih karakteristika, a zatim identifikaciju izvora specifi nih svojstava, otpornosti na najzna ajnije bolesti i insekte i abiotici stres. Evaluacija na molekularnom nivou omogu ava karakterizaciju genotipskih razlika uzoraka u kolekcijama i mapiranje gena od zna aja za selekciju (Qiu i sar., 2011). Baze podataka evaluacije koje su dostupne na internetu (<http://www.ars-grin.gov.4/cgi-bin/npgs/html/crop.pl?51>) ili publikovane u

katalozima (Qiu i sar., 2007) omogu avaju efikasnu razmenu materijala i proširivanje geneti kog fonda kolekcija.

Evaluacija omogu ava klasifikaciju materijala u grupe prema ciljevima oplemenjivanja, olakšavaju i selekcionerima izbor. Tako nastaju *core* ili jezgrove kolekcije koje ine podset (naj eš e 10%) uzoraka iz osnovne kolekcije genotipova, zadržavaju i maksimum raspoložive geneti ke varijabilnosti biljne vrste i njenih divljih srodnika, uz minimum ponovljivosti (Frankel, 1984). Do sada su formirane u okviru svih velikih svetskih kolekcija germplazme soje (Oliveira i sar., 2010; Wang i sar., 2006a; Kaga i sar., 2012; Cho i sar., 2008; Priolli i sar., 2013; Liu i sar., 2006a). Specijalne tzv. *mini-core* kolekcije obezbe uju izvore za oplemenjivanje na specifi ne agronomske, fiziološke i nutritivne osobine (Kuroda i sar., 2009; Guo i sar., 2014).

Razvojem molekularnih tehnika, egzoti ni materijal i divlji srodnici postaju sve interesantniji izvor varijabilnosti. Egzoti ni materijal se odnosi na germplazmu koja, bez prethodne selekcije na adaptiranost u odre enom agroekološkom području, nema direktnu upotrebu (Hallauer i Miranda, 1988). Dragocen je izvor specifi nih osobina i vidova otpornosti ali uglavnom pokazuje slabu adaptabilnost. Identifikacija QTL-ova za prinos u egzoti nom materijalu (Kabelka i sar., 2004; Guzman i sar., 2007) nije dala veliki napredak u prvim pokušajima njihove introgresije u elite linije, s obzirom da je prinos kompleksno svojstvo i da su QTL-ovi za prinos pokazivali veliku interakciju sa sredinom. Brojne studije isti u zna aj divlje soje kao geneti kog izvora za poboljšanje agronomski važnih osobina: prinosa zrna (Concibido i sar., 2003), sadržaja proteina u zrnu (Sebolt i sar., 2000), otpornosti na insekte (Kim i sar., 2011), sušu (Chen i sar., 2006; Seversike, 2011), stres soli (Luo i sar., 2005), sadržaja izoflavona (Hwang i sar., 2009) i za dobijanje genotipova sitnog zrna za posebne namene (Carter i sar., 2008).

2.5. Fenotipske osobine u proceni diverziteta

Fenotipske razlike me u sortama aproksimiraju i rasvetljavaju geneti ki diverzitet. Kako raste broj fenotipskih osobina me u razli itim geneti kim izvorima, raste i broj gena uklju enih u kontrolu osobine, i pove ava se efikasnost predvi anja geneti kog diverziteta na osnovu fenotipske varijabilnosti (Cui i sar., 2001). Fenotipske osobine se registruju na razli itim nivoima: morfološke, fiziološke, biohemijske. Prema na inu nasle ivanja, uobi ajena je široka podela na:

- kvalitativne fenotipske osobine koje su determinisane jednim ili sa nekoliko parova gena, eksprimiraju se u vidu manjeg broja diskontinuiranih klasa (kategorija) i uticaj sredine na njihovu ekspresiju je zanemarljiv;
- kvantitativne fenotipske osobine koje su kontrolisane velikim brojem gena sa aditivnim ili neaditivnim efektom, pokazuju kontinuiranu distribuciju frekvencija i na njihovu ekspresiju u velikoj meri utiče sredina.

Fenotipske osobine se tradicionalno koriste u identifikaciji vrsta, filogenetskim studijama i razlikovanju varijeteta (Smykal i sar., 2008). Meunarodna zajednica za zaštitu novih sorti biljaka UPOV (*International Union for the Protection of New Varieties of Plants*) u deskriptor listama za pojedine biljne vrste definiše fenotipske osobine koje se ocenjuju prilikom izvođenja testova različitosti, uniformnosti i stabilnosti (*Distinctness, Uniformity, Stability*-DUS) u cilju registracije novih sorti i zaštite prava oplemenjivača.

Fenotipski markeri se široko koriste u studijama genetičkog diverziteta velikog broja vrsta u okviru porodice *Leguminosae*: soje (Perry i McIntosh, 1991; Yoon i sar., 2000; Giancola i sar., 2002; Chowdhury i sar., 2002; Dong i sar., 2004; Wang i sar., 2006b; Tavaud-Pirra i sar., 2009; Ramteke i Murlidharan, 2012; Guo i sar., 2014), graška (Smykal i sar., 2008), pasulja (Ligarreto i Martínez, 2014), leblebije (Upadhyaya i sar., 2002). Mnogi autori dovode u pitanje pouzdanost fenotipskih markera u deskripciji, diferencijaciji i identifikaciji genotipova, i proceni diverziteta među njima. Kao argumente isti u: ograničen broj morfoloških markera, nizak stepen polimorfizma, poligenu prirodu nasleđivanja i ekspresiju pod uticajem faktora spoljašnje sredine i faze razvoja (Roldan-Ruiz i sar., 2001; Giancola i sar., 2002; Smykal i sar., 2008). Smanjenoj pouzdanosti morfoloških markera doprinose i subjektivnost posmatrača, ograničenja uspostavljenog sistema ocena i nesavršenost merenja (Roldan-Ruiz i sar., 2001). Giancola i sar. (2002) ističu da je genetička baza nasleđivanja pojedinih morfoloških osobina nepoznata, posebno kada se radi o kvantitativnim svojstvima i da stoga, ona predstavljaju u najboljem slučaju indirektna sredstva za ocenu genetičke srodnosti genotipova. S druge strane, Babić i sar. (2011) navode da se trend korišćenja morfoloških osobina u deskripciji sigurno nastaviti, pogotovu kada se radi o obimnom materijalu i materijalu o kojem se malo zna. Slično zaključuju i Dong i sar., (2004), koji smatraju da se uticaj spoljašnje sredine na fenotipske markere upravo

normalizuje evaluacijom velikog broja uzoraka. Ta nost, konzistentnost i objektivnost zapažanja se povećava poštovanjem procedure i uputstava propisanih tehnikim vodi ima za deskripciju (Bioversity International, 2007).

Podaci dobijeni evaluacijom kvantitativnih i kvalitativnih osobina (vizuelne ocene i rezultati merenja) mogu se analizirati kao individualni setovi podataka ili njihove kombinacije (Mohammadi i Prasanna, 2003). Kombinovanje podataka zahteva poseban oprez zbog greške u procenama distanci na osnovu kvantitativnih osobina (uticaj spoljašnje sredine) i korelacije među osobinama (Souza i Sorrells, 1991a,b). Literatura svedoči o različitim načinima analize agro-morfoloških podataka u proučavanju diverziteta soje: razdvojena analiza kvantitativnih i kvalitativnih podataka (Chowdhury i sar., 2002; Ramtane i Murlidharan, 2012; Guo i sar., 2014), kombinovana analiza (Dong i sar., 2004; Wang i sar., 2006b; Tavaud-Pirra i sar., 2009; Oliveira i sar., 2010) ili analiza u kojoj se većem broju kvalitativnih pridruži manji broj kvantitativnih grupa zrenja ili veličina semena (Perry i McIntosh, 1991; Yoon i sar., 2000; Giancola i sar., 2002; Vu i sar., 2013).

2.5.1. Varijabilnost morfoloških deskriptora

Deskriptor predstavlja atributivno obeležje ili merljivo svojstvo posmatrano na uzorcima iz gen banke. Deskriptor listu čini set individualnih deskriptora za određenu biljnu vrstu. Za lakše razumevanje pojma deskriptor i korišćenje deskriptora potrebno je poznavati njegove elemente: ime, stanje i metod. Ime deskriptora mora biti opisno, nedvosmisleno i kompaktno, i sastoji se iz objekta ili stavke i imena osobine (boja cveta, oblik semena, tip porasta). Stanje deskriptora (fenotipska klasa, kategorija) je jasno definisan nivo fenotipske ekspresije i predstavlja varijaciju u vizuelnim ocenama ili merenjima deskriptora. Uz određeno stanje nalazi se numerička oznaka (ocena) koja olakšava beleženje i razmenu podataka. U cilju lakšeg definisanja kategorija (fenotipskih klasa) deskriptora preporučuje se upotreba referentnog materijala: crteži, referentna kolekcija sorti, palete boja, fenološke skale i ilustracije kao i lista mogućih vrednosti i ocena osobine. Metod opisa definiše: objekat (deo biljke) koji se opisuje ili meri, uslove pod kojima se vrše zapažanja (optimalna fenološka faza za ocenu deskriptora, klimatski uslovi i tretmani pre zapažanja) i veličinu i način formiranja uzorka zavisno od nivoa variranja deskriptora (Bioversity International, 2007).

U vodi u za izvo enje DUS testova za soju TG/80/6 (UPOV, 1998), definisana je lista od 20 fenotipskih deskriptora (morfološke, fenološke i fiziološke karakteristike) i ovaj broj zna ajno je manji o odnosu na kukuruz (UPOV, 2009), i pšenicu (UPOV, 2012), i je deskriptor liste sadrže 41, odnosno 28 osobina. Radi preciznije deskripcije potrebno je oceniti što je mogu e ve i broj osobina.

Boja hipokotila je pod kontrolom gena koji kontroliše boju cveta kod soje (*W1*) i ima plejotropan efekat na boju hipokotila: sorte belog cveta imaju zelen hipokotil dok sorte ljubi astog cveta imaju ljubi ast hipokotil (Takahashi i sar., 2010).

Habitus biljke odre en je položajem bo nih grana na glavnom stablu i uglom koji zatvaraju sa stablom. Zbog jakog efekta sredine (veli ina vegetacionog prostora, mineralna ishrana) geneti ka kontrola nasle ivanja je slabo prou ena (Nelson, 1996). Prema tipu habitusa, sorte soje se dele na uspravne, uspravne do polu-uspravne, polu-uspravne, polu-uspravne do horizontalne i horizontalne (UPOV, 1998). Savremene sorte soje imaju naj eš e uspravan ili polu-uspravan habitus (Malik, 2011; Ramtake i Murlidharan, 2012). Izuzetak ine sorte poreklom iz Indije (Perry i McIntosh, 1991) kod kojih je zapaženo oko 40% genotipova horizontalnog habitusa. U literaturi se navode razli ite vrednosti *Shannon*-ovog indeksa diverziteta za ovu osobinu, od niskih (Perry i McIntosh, 1991), do visokih (Dong i sar., 2004; Malik, 2011).

Tip porasta stabla je klju na morfološka adaptacija i agronomska osobina koja direktno uti e na visinu bljke, po etak i trajanje cvetanja, formiranje nodusa, morfologiju lista, arhitekturu korena, efikasnost koriš enja vode, toleranciju na abioti ki stres i posredno – na prinos zrna (Ping i sar, 2014). Vreme po etka cvetanja kao i šema cvetanja su važne adaptivne osobine cvetnica kontrolisane fiziološkim signalima, genima i njihovom interakcijom, kao i interakcijom genotipa i spoljašnje sredine (Liu i sar., 2010). Vreme cvetanja - šema cvetanja - tip porasta stabla rezultat su selekcije koja je, u kombinaciji sa fotoperiodskom neosetljivoš u, izvršena od strane selekcionera u cilju dobijanja sorti kra eg perioda vegetacije, pogodnih za mehanizovanu žetvu (Repinski i sar., 2012). Prema vremenu završetka (terminacije) apikalnog porasta stabla, sorte soje se klasifikuju na determinantne (DT) i indeterminantne (IDT). Kod sorti DT tipa, stablo naglo prestaje sa apikalnim porastom sa po etkom indukcije cvetanja, te ove sorte imaju manji broj širih internodija, deblje i kra e stablo koje se završava cvetovima skupljenim u terminalnu grozdastu cvast. Period cvetanja ovih sorti kra i je dve do tri

nedelje u odnosu na IDT (Bernard, 1972). Indeterminantno stablo nakon po etka cvetanja nastavlja sa apikalnim, kao i bo nim porastom, što traje do faze nalivanja zrna, pa se vegetativni i reproduktivni razvoj dešavaju istovremeno. Sorte koje sa gaje na severu USA i Kine su IDT tipa porasta, jer preklapanje faza vegetativnog porasta i reproduktivnog razvoja predstavlja vid adaptacije na kra u vegetacionu sezonu severnih regiona, dok su sorte sa juga USA, Japana i Koreje uglavnom DT tipa (Villalobos-Rodriguez, 1983; Perry i McIntosh, 1991). Semideterminantne (SDT) sorte imaju dobru otpornost na poleganje pa su povoljne za gajenje u sistemu navodnjavanja, gde, formiraju više mahuna od IDT sorti (Setiyono i sar., 2007). SDT sorte mogu pre i u IDT usled zasenjivanja ili poleganja (Bernard, 1972). Klasi ne geneti ke analize pokazuju da je tip porasta stabla regulisan epistati kim delovanjem dva gena Dt_1 i Dt_2 . U Dt_1Dt_1 geneti koj konstituciji Dt_2Dt_2 rezultira SDT fenotipom dok dt_2dt_2 daje IDT fenotip. U dt_1dt_1 geneti koj pozadini, fenotip je DT, ukazuju i na epistati ki efekat dt_1 alela na ekspresiju Dt_2/dt_2 lokusa. Obzirom da je Dt_2 nepotpuno dominantan u odnosu na dt_2 ; dihibrid $Dt_1dt_1Dt_2dt_2$ daje fenotipski odnos u F_2 : 1 IDT: 11 SDT : 4 DT. Ispituju i distribuciju diverziteta kod 1830 sorti soje poreklom iz 15 regiona Kine, Koreje i Japana, Yoon i sar. (2000) su izvršili fenotipsku karakterizaciju sorti, i konstatovali da postoje i sortiment ini više od 90% DT sorti. Prou avaju i diverzitet *mini-core* seta formiranog u okviru kineske kolekcije soje, Guo i sar. (2014) referišu podjednake frekvencije DT i IDT sorti i visok indeks diverziteta za ovu osobinu. Dong i sar. (2004) su kod 20500 genotipova soje gajenih u Kini dobili 53% DT, 29% SDT i 18% IDT, kao i vrednost *Shannon*-ovog ideksa 1,18. Perry i McIntosh (1991) izu avaju i diverzitet 2250 genotipova soje USDA kolekcije germplazme, saopštavaju da je *Shannon*-ov indeks diverziteta ove osobine imao najve u vrednosti (0,94) u pore enju sa indeksima ostalih 16 kvalitativnih osobina, a klaster analiza pokazala visoku saglasnost tipa porasta stabla i pripadnosti genotipova geografskim grupama.

Poseban tip porasta stabla predstavlja fasciatan tip, determinisan homozigotnom recesivnom konstitucijom (*ff*) lokusa za fascijaciju stabla (Leffel i sar., 1993), prisutan kod tri genotipa iz Koreje i Japana. Kod ovakvih varijeteta, nakon formiranja prvih listova vegetaciona kupa se deli i formira više sraslih stabala, pa se na svakom nodusu može na i i ve i broj listova. Formiraju duga ku cvast na vrhu stabljike i gusti grozd mahuna (Miladinovi i or evi , 2011). Komercijalne sorte ovakvog tipa stabla još

nisu razvijene, mada postoji registrovana germplazma sa ovim svojstvom (Lefel, 1994). Polupatuljasti (*semidwarf*) genotipovi niskog i determinantnog stabla (*dt₁dt₁*) stvoreni su u SAD 70-tih godina prošlog veka (Cooper i Mendiola, 2004) u cilju prevazilaženja problema poleganja pri gajenju u uslovima navodnjavanja i intenzivne agrotehnike.

Boja malja je pod kontrolom dva lokusa (*T* i *Td*) sa epistati kim delovanjem. Alelna kombinacija *TT TdTd* karakteriše se mrko-žutim maljama, *TT tdt* svetlo-žutim, dok genotip *tt TdTd* karakteriše sive malje (Bernard, 1975). Malje (trihome) su izdužene epidermalne elije koje prekrivaju površinu listova, lisnih drški, stabla i mahuna soje, karakteristične za većinu sorti, uz razlike u boji, gustini, dužini i oštrini malja. Boerma i Walker, (2005) potvrđuju ulogu malja u stvaranju fizičke otpornosti na pojedine vrste štetnih insekata. Odbrambena uloga malja zavisi od dužine, orijentacije, gustine i oštrote malja (Turnipseed, 1977; Lambert i sar., 1992; Hulburt i sar., 2004). Evaluacija germplazme soje u svetskim kolekcijama pokazuje različite proporcije genotipova sivih i žutih malja, pokazuju i visoke vrednosti indeksa diverziteta kao rezultat jednakih frekvencija genotipova u dve fenotipske klase (Dong i sar., 2004; Guo i sar., 2014).

Naboranost lista je kvalitativna osobina o kojoj varijabilnost postoji malo literaturnih podataka. Rode i Bernard (1975a, 1975b) su otkrili dva mutanta za naboranost lista – talasast (*wavy*) i naboran (*bullate*), svaki kontrolisan sa dva recesivna gena *lw1lw2* i *lb1lb2*. Sorte soje se dele na sorte slabo, srednje i jako naboranog lista.

Oblik liske je važna osobina koja se koristi u evaluaciji i klasifikaciji genetičkih resursa soje, i identifikaciji uspešno izvedenih ukrštanja (Oide i Ninomiya, 2000). Oblik liske zavisi od homozigotne dominantne (*LnLn*) i recesivne (*lnln*) konstitucije, pri čemu dominantni homozigot determiniše širok, recesivni homozigot uzak list, a heterozigot (*Lnln*) je intermedijaran (Bernard i Weiss, 1973). Genotipovi sa uskim liskama i manjom lisnom površinom imaju bolju distribuciju svetlosti kroz nadzemni deo biljke, veća u produktivnost fotosinteze (Wells i sar., 1993; Suh i sar., 2000) i mogu se gajiti u gušćem sklopu. Dong i sar. (2001) referišu da je oblik liske bio najvarijabilnija od osam proučavanih kvalitativnih morfoloških osobina divlje soje. Visok *Shannon*-ov indeks diverziteta za ovu osobinu utvrđen je i u studiji koja je obuhvatila oko 20000 genotipova soje gajenih u Kini (Dong i sar., 2004). Malik (2011) i Perry i McIntosh (1991) su utvrdili nizak diverzitet oblika lista zbog neujednačene distribucije genotipova u tri fenotipske klase i odsustva predstavnika uskih listova u većini grupa.

Veli ina bo ne liske kod komercijalnih sorti varira od 4 do 20 cm u dužini, i 3 do 10 cm po širini (Lersten i Carlston, 1987) i sortna je karakteristika (Miladinovi i sar., 2011). Prema veli ini bo ne liske, uobi ajena je podela na sorte krupnog, srednjeg i sitnog lista. Perry i McIntosh (1991) i Yoon i sar. (2000) su utvrdili razli itu proporciju genotipova sitnog, srednjeg i krupnog lista u grupama razli itog geografskog porekla, kao i da je krupan list uglavnom karakteristi an za genotipove poreklom iz Koreje. Literaturni podaci o vrednosti *Shannon*-ovog indeksa diverziteta za ovu osobinu variraju od 0,44 do 0,66 (Perry i McIntosh, 1991; Yoon i sar., 2000; Malik, 2011).

Intenzitet zelene boje lista determinisan je velikim brojem gena koji kontrolišu sintezu hlorofila u listovima: *VI*, *V2* (geni za normalne, odnosno varijegata listove), *Y3*-*Y23* (21 gen za normalno obojen zeleno-žut/bled ili zelen/bledo zelen list) (Palmer i sar., 2004). Od toga, samo je osam gena (*VI*, *Y9*-*Y13*, *Y23*) locirano na klasi noj mapi vezanih gena (Cregan i sar., 1999). Za rutinsku deskripciju genotipova soje u svetskim kolekcijama naj eš e se koristi podela na sorte svetlo-zelenog, zelenog i tamno zelenog lista. Ramteke i Murlidharan (2012) su utvrdili podjednaku zastupljenost genotipova zelenog i tamno-zelenog lista u Indijskoj kolekciji germplazme soje. Analiziraju i diverzitet 45 genotipova soje razli itog porekla, Kumar (2008) utvr uje razli ite proporcije uzoraka svetlo zelenog, zelenog i tamno zelenog lista. U studiji fenotipske varijabilnosti modernih kineskih i severno-ameri kih sorti, Cui i sar (2001) referišu viši sadržaj hlorofila i intenzivniju boju lista kod severno-ameri kih sorti.

Boja cveta kod soje je pod kontrolom šest gena (*W1*, *W2*, *W3*, *W4*, *Wm* i *Wp*) (Palmer i sar., 2004; Takahashi i sar., 2008). Kod *W1* genotipa, genotip *W3W4* ima tamno ljubi ast, *W3w4* blede ljubi ast, *w3W4* ljubi ast, i *w3w4* skoro beo cvet (Hartvig i Hinson, 1962). Uobi ajena klasifikacija genotipova soje prema boji cveta u svetskim kolekcijama podrazumeva podelu na sorte belog (*w1*) i ljubi astog cveta (*W1*). Boja cveta kod *G.soja* je gotovo uvek ljubi asta (Dong i sar., 2001; Chen i Nelson, 2004); nasuprot njoj, 33% (5544 od 16855) genotipova *G.max* u USDA kolekciji soje ima bele cvetove (Takahashi i sar., 2010). U istraživanju koje su sproveli Yoon i sar. (2000) boja cveta je zajedno sa bojom malja pokazala najve i diverzitet me u 10 ispitivanih deskriptora. Perry i McIntosh (1991) su utvrdili visoku vrednost *Shannon*-ovog indeksa diverziteta za boju cveta i približan odnos od sorti ljubi astog i sorti belog cveta 3:1.

Boja mahune kod soje varira od sive, preko različitih varijanti braon do crne. Svaka sorta ima karakterističnu boju mahune, koja omogućava njihovo međusobno razlikovanje. Bernard (1967) je klasifikovao genotipove soje prema boji mahune: crna ($L_1\text{--}$), braon ($l_1l_1\text{ }L_2\text{--}$) i žuta ($l_1l_1\text{ }l_2l_2$). Prilikom vizuelne ocene boje mahune, boja malja može uticati na donošenje pogrešne ocene. Kod genotipova iz USDA kolekcije uočeno je prisustvo 5 fenotipskih klasa (crna, braon, tamno braon, svetlo braon, žuta) i velika varijabilnost boje mahune (Hill i sar., 2005; Peregrine i sar., 2008). Perry i McIntosh (1991) navode da u regionu Afrike, Evrope i Južne i Centralne i Azije prevladavaju sorte svetle, dok su u ostalim regionima (Amerika, Indija, Koreja, Japan, Kina i bivši SSSR) više zastupljene sorte braon mahune.

Veličina i oblik semena su osobine visoke varijabilnosti. Za uzorke iz USDA kolekcije, prilikom ocenjivanja oblika semena koristi se kombinacija dva zapažanja: „bo ni izgled“ (okruglo do veoma izduženo) i „izgled sa kraja“ (okrugao, normalan i spljošten) daju i 15 klasa deskriptora (Hill i sar., 2005; Peregrine i sar., 2008). Jednostavnija podela podrazumeva klasifikaciju na sorte okruglog, okruglo-spljoštenog, izduženog i izduženo-spljoštenog oblika semena (UPOV, 1998). Cober i sar. (1997) su utvrdili umerene do visoke vrednosti heritabilnosti za oblik (9-79%) i veličinu semena (19-56%), i odsustvo asocijacije ovih osobina. Iako je za veličinu semena utvrđena kvantitativna priroda nasleđivanja (Hu i sar., 2013), osobina se uspešno koristi i kao kvalitativni morfološki deskriptor, pri čemu je uobičajena podela na krupno, srednje i sitno seme (UPOV, 1998). Evaluacijom japanske kolekcije soje, Kaga i sar. (2012) su utvrdili široko variranje mase 1000 zrna (30-775 g). Konzumna soja (*edamame*) je poseban tip soje krupnog zrna i prijatne arome, koja se žanje pre pune zrelosti i koristi za spravljanje različitih vrsta jela (Li i sar., 2013).

Boja semenjača i boja hiluma su oligogena svojstva determinisana epistatičkim delovanjem četiri nezavisna lokusa: *Inhibitor* (*I*), *Tawny* (*T*), neimenovani lokus označen kao *R*, i lokus za boju cveta (*W1*). Boja semenjača je prvenstveno pod uticajem *Inhibitor* lokusa sa četiri alela. Odsustvo sinteze antocijana u semenjaču i rezultat dominacije *I* alela koji inhibira njihovu akumulaciju i daje žutu semenjaču (Tod i Vodkin, 1993). U linijama sa recesivnim *i* alelom, boja semenjača i hiluma zavisi od alela prisutnih u lokusima *T*, *R* i *W1* (Palmer i sar., 2004). Svi uzorci *G.soja* uzgajani u USDA kolekciji germplazme soje imaju crnu semenjaču, dok većina *G. max* poseduju

žutu semenja u (Gillman i sar., 2011). Moderne sorte su žute semenja e kao najpodesnije za preradu, mada postoji i malo tržište za sorte obojene semenja e, koje predstavljaju prirodni izvor antioksidanata (Malen i i sar., 2012; Žili i sar., 2013). Boja hiluma se koristi kao marker za verifikaciju uspešnosti ukrštanja i u razli itim koracima oplemenjiva ke i semenarske prakse. Visok indeks diverziteta za boju hiluma proizilazi iz velikog broja kategorija osobine koje variraju od žute, braon do crne (Guo i sar., 2014). Analizom morfološkog diverziteta azijskih sorti, Yoon i sar. (2000) su zabeležili da su najve e vrednosti indeksa diverziteta imale boja semenja e i hiluma. Perry i McIntosh (1991) su fenotipskom evaluacijom genotipova 15 regiona sveta utvrdili visok indeks diverziteta za boju hiluma i umereno visok za boju semenja e.

Sjaj semenja e je varijabilno svojstvo koje zavisi od geneti kih faktora i uslova spoljašnje sredine i odre eno je koli inom endokarpa koji prijanja za površinu semena (Gijzen i sar., 2003,2006). Juvik i sar. (1989), determinišu 6 fenotipskih klasa osobine u zavisnosti od prisustva i debljine sloja endokarpa. Deskripcija u svetskim kolekcijama podazuje podelu na genotipove mat (umerena koli ina endokarpa) i sjajne (odsustvo endokarpa) semenja e. Tri komplementarna gena (*B1*, *B2*, *B3*) kontrolišu nasle ivanje sjaja semenja e (Guodong i sar. 1987). Geneti ki model nasle ivanja je i dalje nejasan, iako se zna da ukrštanje mat i sjajnog genotipa segregira u jednostavnom Mendelovom odnosu pri emu je mat genotip dominantan (Bernard i Weiss, 1973).

Boja hilumovog funikla je morfološki marker koji se zbog jednostavnosti opservacije esto koristi u deskripciji novopriznatih sorti. Hilum predstavlja trag funikulusa koji spaja seme sa zidom mahune. Prilikom odvajanja semena od mahune epidermalni sloj elija hiluma zaostaje na funikulusu, ostavljaju i beli ožiljak po sredini hiluma, ija boja može biti ista kao semenja e i razli ita od boje semenja e.

Mnoge studije diverziteta soje utvr uju isti, tzv. geografski obrazac grupisanja genotipova na osnovu varijabilnosti kvalitativnih morfoloških markera, obzirom da svaki oplemenjiva ki program stvara sorte prema ideotipu koji odgovara agroekološkim uslovima i navikama stanovništva odre ene regije. Žarkovi (1999) je ispitivala geneti ku udaljenost 13 genotipova soje poreklom iz Srbije, Amerike, Francuske i Kine na osnovu kvalitativnih morfoloških osobina, i utvrdila grupisanje genotipova saglasno podacima o poreklu. Perry i McIntosh (1991) su opisali fenotipski diverzitet na osnovu 17 osobina kod 2250 genotipova soje USDA kolekcije, podeljenih u 9 regiona sveta.

Klaster analiza grupisala je genotipove u 4 regionalne grupe: (i) Indija i Afrika; (ii) Kina, Evropa, Novi Svet i Jugoistočna Azija; (iii) Koreja i Japan i (iv) Jugozapadna Centralna Azija. Pripadnici različitih klastera bili su diferencirani prema tipu porasta, obliku i veličini lista, i u manjoj meri grupi zrenja, habitusu i boji semena. Proučavajući morfološki i molekularni diverzitet 100 komercijalnih sorti soje registrovanih u Argentini, Giancola i sar. (2002) su utvrdili da dendrogram dobijen na osnovu pretežno kvalitativnih morfoloških podataka pokazuje saglasnost sa pedigreeom i u određenoj broju slučajeva grupom zrenja. Primenom kanonske diskriminacione analize i klaster analize, Yoon i sar (2000) su proučavali geografski obrazac morfološke varijabilnosti deset kvalitativnih osobina kod 1830 genotipova soje iz 4 regiona i utvrdili da se sve grupe poreklom iz Koreje svrstavaju u jedan podklaster, dok se japanski i kineski genotipovi grupišu zajedno u drugom podklasteru. Chowdhury i sar. (2002) otkrivaju dovoljnu diskriminacionu moć 11 kvalitativnih svojstava da razdvoje 48 sorti soje različitog porekla, na nivou koeficijenta sličnosti 0,94. Utvrđuju i srodnost divljih, polu-divljih i gajenih genotipova soje iz različitih regiona Koreje na osnovu 8 kvalitativnih i 3 kvantitativne osobine, Vu i sar. (2013) su utvrdili da je grupisanje genotipova na osnovu morfoloških karakteristika pokazalo veću saglasnost sa geografskim poreklom nego grupisanje na osnovu SSR polimorfizma, potvrđujući i superiornost molekularnih markera za preciznu analizu diverziteta.

2.5.2. Varijabilnost agronomski značajnih osobina

Biljka soje je fotoperiodski osetljiva i zahteva određenu dužinu dana za prelazak iz vegetativne u reproduktivnu fazu. U zavisnosti od fotoperiodske reakcije, sve sorte soje podeljene su u 13 grupa zrenja (GZ), od najranijih (GZ 000) do najkasnijih (GZ X). Sorte najkasnije vegetacije (GZ 000) su fotoperiodski insenzitivne, adaptirane na uslove dužeg dana, imaju duži kritični period i mogu se uspešno gajiti i na većim geografskim širinama (Miladinović i drugi, 2011).

Dužina vegetacije za fotoperiodski osetljive biljke kao što je soja definiše se kompleksnom interakcijom temperature i dužine fotoperioda (Raper i Kramer, 1987), određuju i dalje sve faze razvoja biljke (Han i sar., 2006; Zhang i sar., 2015), uključujući i vreme cvetanja, vreme sazrevanja, formiranje komponenti prinosa i u krajnjem rezultatu – prinos (Alliprandini i sar., 2009). Razvoj soje podeljen je na dve

faze – vegetativnu i reproduktivnu, ija je smena odre ena po etkom cvetanja (Fehr i Caviness, 1977). Duže trajanje vegetativne faze kod kasnijih grupa zrenja uti e na ve u produkciju biomase (Rao i sar., 2002), a duža reproduktivna faza na formiranje komponenti prinosa (Machikowa i sar., 2005), rezultiraju i ve im prinosima kasnijih u odnosu na ranije grupe zrenja (Voldeng i sar., 1997). Vreme trajanja reproduktivne faze je od kriti nog zna aja za prinos zrna. Miladinovi i sar. (2006a) utvr uju jaku pozitivnu korelaciju izme u prinosa zrna sa jedne strane, i dužine vegetativne i reproduktivne faze sa druge. Mayhew i Caviness (1994) navode da u godini sa nepovoljnim rasporedom padavina sorte kra e vegetacije mogu ostvariti ve i prinos u odnosu na kasnije. Povoljni klimatski uslovi u toku vegetacije favorizuju sve grupe zrenja do gotovo potpunog iskoriš enja geneti kog potencijala, pa se može desiti da nema zna ajnijih razlika izme u sorti 0, I i II grupe zrenja (uki i sar., 2011). Egli (1994) utvr uje da se dužina perioda nalivanja zrna pove avala od GZ 00 do GZ I, dok kod kasnijih grupa zrenja nije bilo razlika i zaklju uje da trajanje faze nalivanja ne raste uvek sa dužinom vegetacije. Isti autor (1993) navodi da duža vegetativna faza kasnijih sorti ne obezbe uje nužno i ve i potencijal za prinos.

Široka adaptabilnost soje zasnovana je na prirodnoj varijaciji 10 major gena ozna enih kao *E* geni i ve eg broja QTL-ova koji kontrolišu vreme cvetanja i sazrevanja kroz fotoperiodski odgovor biljke (Kong i sar., 2014). U svakom *E* lokusu prisutna su dva alela – kasno cvetanje i sazrevanje rezultat je parcijalne dominacije *E* alela, dok je rano cvetanje rezultat homozigotne recesivne konstitucije *ee* (Cober i sar., 2001). Navedeni geni kontrolišu i druge osobine, kao što su visina biljke, broj nodusa i prinos zrna (Wang i sar., 2004; Zhang i sar., 2004, Kumudini i sar., 2010). U nasle ivanju dužine vegetacije preovla uje aditivna komponenta, pa je heritabilnost oko 90% (Eskandari i sar., 2013) te selekcija na ovu osobinu može po eti u ranijim generacijama.

Visina stabla soje je važna komponenta prinosa i kompleksno kvantitativno svojstvo ija je ekspresija veoma uslovljena faktorima spoljašnje sredine (Sun i sar., 2012). Na 20 hromozoma soje detektovano je 180 QTL-ova za visinu stabla (<http://soybase.org>, pristup 16.jun 2015.), a u novijim studijama i oni sa major efektom (Zhang i sar., 2015), posebno zna ajni za dalji napredak u oplemenjivanju. Efikasnost QTL-detekcije je znatno smanjena zbog prisustva epistaza i interakcije genotip × sredina, smanjuju i ta nost u predikciji fenotipa u marker-asistiranoj selekciji (Liu i

sar., 2013). Dosadašnje studije su utvrdile preklapanje lokusa za visinu stabla sa lokusima za dužinu vegetacije ukazuju i da ove osobine donekle dele istu osnovu nasleđivanja, tj. da vreme cvetanja utiče na visinu biljke (Zhang i sar., 2004; Lee i sar., 1996; Liu i sar., 2013). Aditivna komponenta genetike varijanse više utiče na ekspresiju svojstva (Yang i sar., 1995). Literaturni podaci govore da se heritabilnost visine biljke kreće u širokim granicama od 21,0% (Jovanović, 1994) do 83,12% (Žilić, 1996). Korelacija visine biljke i prinosa zrna koja se pronalazi u literaturi svedoči o različitosti i smeru povezanosti ove dve osobine (Žilić, 1996; Malik i sar., 2007). Iako Peri (2009) navodi visoku korelaciju visine stabla sa brojem mahuna i brojem nodusa i negativnu značajnu korelaciju visine biljke i prinosa zrna, Rajput i sar. (1987) zaključuju da visina biljke nema veći i direktan uticaj na prinos zrna, već deluje indirektno – preko broja zrna i broja mahuna po biljci.

Broj nodusa na glavnom stablu zavisi prvenstveno od alela prisutnih u *Dt* lokusu (Curtis i sar., 2000), rezultiraju i manjim brojem nodusa kod determinantnih u odnosu na indeterminantne sorte, a potom i od alelne konstitucije *E* lokusa koji kontroliše vreme cvetanja i sazrevanja (Kumudini i sar., 2010). Obzirom da dominantni *E* gen odlaže cvetanje, posebno u uslovima dužeg fotoperioda, prisustvo ovog alela povećava broj nodusa kod sva tri tipa terminacije stabla. Generalno, kasnije sorte imaju veći broj nodusa, kao rezultat dužeg perioda vegetativnog razvoja (Egli, 2010). Iako broj nodusa zavisi od uslova sredine (temperatura, dužina fotoperioda), u okviru genotipa pokazuje manju varijaciju i smatra se sortnom osobinom, o čemu svedoče visoke vrednosti heritabilnosti i niski koeficijenti fenotipske varijacije (Peri, 2009; Srebrni, 2013). Heritabilnost broja nodusa veća je od heritabilnosti za visinu biljke, što znači da faktori sredine na visinu biljke više deluju preko dužine internodija nego preko broja nodusa (Žilić, 1996). Genetička korelacija između broja nodusa i prinosa zrna manja je od korelacije broja nodusa i broja mahuna pa se smatra da ova osobina na prinos uglavnom deluje posredno – preko broja mahuna (Peri, 2009).

Broj mahuna zajedno sa brojem zrna po biljci predstavlja najvažniju komponentu prinosa (Board i sar., 1999). Do sada su identifikovana 33 QTL-a za broj mahuna po biljci (<http://soybase.org>, pristup 16. jun 2015). Broj mahuna veoma varira u zavisnosti od faktora spoljne sredine i u poređenju sa ostalim predstavlja najvarijabilniju komponentu prinosa (Peri, 2009; Jovanović, 1994). U literaturi se mogu pronaći

različite vrednosti heritabilnosti broja mahuna od 18,8%, do 80% (Karasu i sar., 2009; Costa i sar., 2008). Brojna istraživanja potvrđuju visoku signifikantnu korelaciju između broja mahuna i prinosa zrna (Jovanović, 1994; Žilić, 1996). Prosti koeficijenti korelacije između broja mahuna po biljci i prinosa zrna na jednoj, i broja zrna po biljci i prinosa na drugoj strani pokazuju da je direktan uticaj broja mahuna po biljci na prinos mnogo manji nego indirektan uticaj preko broja zrna i mase hiljadu zrna (Žilić, 1996). Do istih zaključaka došli su Hrustić i sar. (1985) i Šurlan-Momirović i sar. (1990), putem analize putanje. Broj mahuna je najčešće u negativnoj korelaciji sa masom 1000 zrna (Malik i sar. 2007; Žilić, 1996, Perić, 2009), obzirom da genotipovi sa velikim brojem mahuna i zrna po biljci formiraju sitnija zrna.

Broj zrna po biljci se smatra najvažnijom komponentom prinosa soje, a zavisi od broja mahuna po biljci i broja zrna po mahuni (Vratarić i Sudarić, 2008). Najveći deo varijacije prinosa zrna uzrokovan je varijabilnošću broja zrna (Egli, 2010). Temperatura i vlažnost vazduha, kao i zemljišna vlaga u fazama cvetanja, formiranja mahuna i zrna i nalivanja semena igraju ključnu ulogu u formiranju broja zrna po biljci. Konačan broj zrna na biljci zavisi od procesa venjenja i odbacivanja cvetova, nezrelih mahuna i zrna, što u povoljnim uslovima može dostići 50%, a u nepovoljnim i preko 80 % (Egli, 2010). Informacije o 8 QTL-ova za broj zrna nalaze se na <http://soybase.org> (pristup 16.jun 2015), a detektovano je i 6 QTL-ova sa aditivnim efektom za broj zrna po mahuni (Yang i sar., 2013). Heritabilnost za broj zrna zavisi od genetičke strukture ispitivanog seta, kombinacije ukrštanja, uslova testiranja i metode procene, pa vrednosti ovog parametra variraju u širokom intervalu najčešće ne prelaze 50% (Žilić, 1996; Srebrić, 2013). Brojni radovi pokazuju da je broj zrna po biljci glavni selekcioneri kriterijum. Šurlan-Momirović i sar. (1990) nalaze visoku pozitivnu korelaciju broja zrna i prinosa zrna po biljci, kao i visok direktan efekat broja zrna po biljci na prinos zrna, i nizak negativan indirektan efekat preko mase 1000 zrna.

Masa hiljadu zrna je mera krupnoće zrna. Veličina zrna je rezultat stope rasta zrna i trajanja perioda nalivanja, pri čemu su oba procesa pod genetičkom kontrolom (Egli i sar., 1984). Veličina zrna može i ne mora biti povezana sa prinosom, što zavisi od izvora varijacije. Ukoliko veličina zrna varira usled genetičkih faktora koji determinišu individualnu stopu porasta, povećanje veličine zrna vodi smanjenju broja zrna što je klasičan primer kompenzacije komponenti prinosa. Ako je, pak, izvor

varijacije geneti ka kontrola trajanja perioda nalivanja, efekat ovog izvora varijacije na prinos je o igledan (Egli, 2010). Na varijaciju u veli ini uti u i faktori spoljašnje sredine, prvenstveno temperatura vazduha i vlažnost zemljišta. Stres suše u periodu nalivanja zrna uti e na starenje asimilacione površine, smanjuje sintezu i transport asimilata i skra uje period nalivanja zrna, dovode i do redukcije veli ine semena, a time i prinosa zrna. Redukcija mase 1000 zrna u godinama sa nepovoljnim vremenskim uslovima može iznositi i do 30% kod pojedinih genotipova (uki i sar., 2011). Prinos i masa 1000 zrna najbolji su pokazatelji povoljnosti jednog regiona ili godine za gajenje soje (uki i sar., 2009a; Dozet, 2006). Do danas je identifikovano 206 QTL-ova za veli inu semena (<http://soybase.org>, pristup 16.jun 2015), a u poslednjim studijama otkriveni su QTL-ovi sa dominantnim alelom koji zna ajno doprinosi pove anju veli ine semena (Kato i sar. 2014). Iako neki autori referišu niske vrednosti heritabilnosti za masu 1000 zrna, u literaturi se eš e pronalaze vrednosti ve e od 50 % (Miladinovi , 1999, Peri , 2009, Liu i sar., 2013, Hu i sar., 2013). Geneti ki koeficijenti korelacije prinosa i mase 1000 zrna koje navodi literatura govore o razli itoj ja ini i smeru povezanosti ovih osobina (Da Silva i sar., 2014; Mahbub i sar., 2015; Haghi i sar., 2012; Iqbal i sar., 2003; Li i sar., 2013). Analizom putanje, Šurlan-Momirovi (1990) je dobila pozitivnu signifikantnu korelaciju mase 1000 zrna i prinosa i pozitivan visoko-zna ajan direktan efekat mase 1000 zrna na prinos, i negativne niske i nesignifikantne indirektno efekte preko broja mahuna i broja zrna.

Prinos zrna je kompleksno svojstvo i sastoji se od ve eg broja komponenti kvantitativne prirode ija je geneti ka baza poligena (Borojevi , 1981). Prema <http://soybase.org> (pristup 18.jun 2015) identifikovano je 149 QTL-ova za prinos kod soje na 20 grupa vezanih gena. Neki od njih su ko-lokalizovani sa drugim agronomski važnim osobinama, kao što su sadržaj ulja i proteina (Chung i sar., 2003), visina biljke i vreme sazrevanja (Wang i sar., 2004; Kabelka i sar., 2004), masa 1000 zrna i broj mahuna po biljci (Palomeque i sar., 2009; Fox i sar., 2015). Zbog poligene prirode nasle ivanja prinosa i interakcije geneti kih sa faktorima spoljašnje sredine, oplemenjivanje na prinos se vrši preko komponenti, koje imaju ve i stepen naslednosti nego sam prinos. Pored broja biljaka po jedinici površine, broj mahuna i zrna po biljci, masa 1000 zrna, broj nodusa na glavnom stablu i visina biljke najvažnije su komponente prinosa soje (Jockovi i sar., 1998). Interakcija genotip \times spoljašnja sredina

za prinos zrna kao i uticaj neaditivnih efekata gena naj eš e su vrlo zna ajni, te je heritabilnost za prinos obi no ispod 30% (Karasu i sar. 2009; Peri , 2009), mada neki autori navode vrednosti u granicama od 60% do preko 90% (Li i Burton, 2002; Kabelka i sar., 2004). Studije varijabilnosti prinosa u zavisnosti od sorte, grupe zrenja, godine i lokacije gajenja iznose razli ite vrednosti glavnih efekata i interakcije u ukupnoj varijabilnosti prinosa (uki i sar., 2009b; Sudari i sar., 2006a; Rao i sar., 2002). Sredina uti e na visinu prinosa preko razli itih faktora od kojih su najvažniji dužina fotoperioda (Kumudini i sar., 2007), suma i raspored padavina, i temperature u toku vegetacije (Chen i Wiatrak, 2010; Gibson i Mullen, 1996). Efekat vodnog deficita na prinos zavisi od dužine trajanja, intenziteta i vremena pojave suše (Desclaux i Roumet, 1996), pri emu pojava suše u fazi cvetanja, formiranja mahuna i nalivanja zrna vodi zna ajnom smanjenju prinosa (Pedersen i Lauer, 2004).

Sadržaj proteina i ulja u zrnu su kvantitativne osobine determinisane ve im brojem gena sa *minor* ili *major* efektom (Hyten i sar., 2004), i veoma zavise od faktora spoljašnje sredine i interakcije genotip \times sredina (Miladinovi i sar., 1996; Baleševi - Tubi i sar., 2011). Identifikovan je veliki broj QTL-ova za sadržaj ulja (182) i proteina (144) (<http://soybase.org>, pristup 4. jun 2015), ali je stabilnost samo nekolicine potvr ena kroz geneti ke osnove (populacije) i/ili sredine (Pathan i sar., 2013). Evaluacijom genotipova USDA kolekcije utvr ena je zna ajna varijacija u sadržaju proteina (35,1%-56,8%) i ulja (8,3%-27,9%) (Burton i Miranda, 2013). Evaluacijom sadržaja ulja i proteina kod 135 genotipova kolekcije soje Instituta za kukuruz „Zemun Polje“ utvr eno je variranje sadržaja ulja od 12,28% do 22,19%, i proteina od 32,18% do 48,20% (Peri i sar., 2012). Klaster analiza pokazala je da najve i broj genotipova ima srednji sadržaj ulja i proteina (58) ali su identifikovana i 3 visoko-uljana genotipa srednjeg sadržaja proteina i 10 visoko-proteinskih genotipova srednjeg sadržaja ulja

Visoka negativna korelacija izme u sadržaja ulja i proteina (Chung i sar., 2003; Bellalui i sar., 2009) kao i negativna korelacija izme u sadržaja proteina i prinosa zrna (Li i Burton, 2002; Taški-Ajdukovi i sar., 2010) glavni je problem u dobijanju genotipova visokog prinosa i visokog sadržaja proteina u zrnu. Chung i sar. (2003) su dokazali da pove anje proteina od 2% rezultira u istovremenom smanjenju sadržaja ulja za 1%. Eskandari i sar. (2013) su identifikovali QTL koji ima pozitivan efekat na obe osobine istovremeno, i nekoliko QTL-ova koji pove avaju sadržaj ulja ne smanjuju i

proteine. Heritabilnost sadržaja ulja i proteina je oko 70% (Pathan i sar., 2013; Kabelka i sar., 2004) i često je veća nego za druga kvantitativna svojstva (Eskandari i sar., 2013).

Sorte kraće vegetacije imaju veći sadržaj proteina i manji sadržaj ulja, a kasne sorte sintetišu više ulja a manje proteina (Popović i sar., 2012; Balešević-Tubiš i sar., 2012). Bellaloui i sar. (2009) navode da je uticaj grupe zrenja na hemijski sastav zrna soje značajno veći od uticaja klimatskih faktora u periodu naliivanja zrna (prvenstveno temperature). Yaklich i sar. (2002) su ispitivali sorte soje GZ 00-VIII južnog i severnog regiona SAD i Kanade, i utvrdili da je sa porastom dužine vegetacije rasla koncentracija oba parametra, smanjivao se odnos protein:ulje i povećavala se negativna korelacija između njih, tako da je najjača negativna korelacija utvrđena kod kasnijih grupa zrenja.

Dok je sinteza proteina uglavnom konstantna kroz period naliivanja zrna i manje zavisna od temperature, sinteza ulja je pod većim direktnim uticajem temperaturnih uslova, što je uslovljeno genetičkom kontrolom dve osobine i činjenicom da je sadržaj ulja dvostruko manji od sadržaja proteina (Yaklich i Winyard, 2004). Vodni deficit i visoka temperatura u fazi naliivanja zrna uzrokuju povećanje sadržaja proteina za 4,4%, dok se prinos zrna i sadržaj ulja smanjuju (Dornbos i Mullen, 1992).

Tavaud-Pirra i sar. (2009) su analizirali genetičku diverzitet 333 genotipa soje uzgajane u francuskoj INRA kolekciji, uključujući i evropske genotipove, i utvrdili visoku varijaciju fenotipskih osobina (tip porasta i visina stabla, poleganje, dužina reproduktivne faze i sadržaj proteina) u okviru geografskih regiona i, posledno, malo međugrupno variranje, kao i slabo poklapanje obrasca grupisanja sa regionom porekla.

Cui i sar. (2001) su proučavali diverzitet 47 savremenih kineskih i 25 severno-američkih sorti soje na osnovu 25 kvantitativnih osobina, klaster analizom i analizom glavnih komponenti (PCA). Prva analiza pokazala je grupisanje genotipova u 7 podklastera, pri čemu su četiri obuhvatila predominantno kineske, 1 podklaster američke, a 2 podklastera genotipove oba regiona. Razlike u grupi zrenja među genotipovima bile su bolji indikator fenotipskog diverziteta u okviru severno-američkih u odnosu na kineske genotipove. Kineske sorte pokazale su veću fenotipsku diverzitet, formirajući i distinktno klastere prema visini stabla, krupnoći i broju zrna, koncentraciji ulja i proteina, dok su američki genotipovi bili uglavnom intermedijarni za sve osobine. Obe grupe genotipova pokazale su slične, niske i signifikantne korelacije koeficijentata fenotipske sličnosti sa koeficijentom srodstva. PC analiza je pokazala saglasnost sa

modelom grupisanja klaster analize, razdvajaju i genotipove po drugoj osi na ranostasne (GZ I i II) i kasnostasne (GZ II–VII), pri čemu su rani američki bili razdvojeni od ranih kineskih genotipova. Iako je poznato da američke sorte vode poreklo od kineskih lokalnih populacija, visok nivo njihove separacije ukazuje da su decenije veštačke selekcije dovele do adaptacije na kontrastne sredine dva regiona, prouzrokuju i znatne genetičke i fenotipske razlike ovih genotipova (Li i sar., 2001).

Klaster analizom hemijskog sastava zrna na osnovu 11 parametara (nutrijenti, anti-nutrijenti i bioaktivne komponente) u zrnu, Goyal i sar. (2012) su utvrdili pravilno grupisanje genotipova u grupe na osnovu sadržaja ulja, proteina i tripsin inhibitora.

Iqbal i sar (2008) su primenom klaster i PC analize na osnovu 10 kvantitativnih osobina utvrdili da je grupisanje 139 genotipova soje bilo u saglasnosti sa grupom zrenja i komponentama prinosa, kao i da su najveći doprinos varijabilnosti sadržanoj u PC 1 osi dali broj mahuna i prinos zrna, PC 2 osi masa 1000 zrna i sadržaj ulja, a PC 3 osi dužina vegetacije.

Analizom glavnih komponenti 18 sorti soje na osnovu 9 kvantitativnih osobina Peri i sar. (2014) su utvrdili grupisanje genotipova prema dužini vegetacije, i različit doprinos pojedinih osobina varijabilnosti sadržanoj u tri PC ose.

Kumar i sar. (2015) su izvršili evaluaciju agro-morfološkog diverziteta 40 genotipova soje različitog porekla multivarijacionim metodama. Klaster analiza razdvojila je genotipove u dve grupe, prema visini prinosa i grupi zrenja, dok je PC analiza pokazala da su komponente sa najvećim doprinosom varijabilnosti bile broj mahuna po biljci i dužina vegetacije.

Arshad i sar. (2006) su klaster analizom sorti različitog porekla na osnovu komponenti prinosa, dobili separaciju genotipova na osnovu dužine vegetacije i visine prinosa, i odsustvo saglasnosti između u modela grupisanja i podataka o poreklu.

Ispitujući i set uzoraka iz Japana (lokalne populacije, stare i savremene sorte) Kaga i sar. (2012) su utvrdili da se genotipovi iz različitih geografskih regiona uglavnom grupišu u klastere prema njihovim agro-morfološkim osobinama (osobine semena i fotoperiodska reakcija) pre nego po regionu porekla.

2.6. Molekularni markeri u proceni diverziteta

Molekularni markeri su fragmenti DNK koji predstavljaju deo gena ili nekodirajućeg dela genoma i odlikuju se visokim polimorfizmom. Genetički polimorfizam je prisustvo dva ili više alela u istom lokusu u nekoj populaciji, pri čemu svaki alel ima značajnu frekvenciju (Cavalli-Sforza i Bodmer, 1971). Polimorfizam molekularnih markera zasniva se na varijaciji određenih DNK sekvenci u populaciji i može se detektovati na više načina (Liu, 1998):

1. Markeri zasnovani na hibridizaciji

- RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism* – Polimorfizam Dužine Restrikcionihih Fragmentata) – detektuju varijaciju u dužini DNK fragmenata dobijenih delovanjem specifičnih restrikcionihih endonukleaza.

2. PCR zasnovani markeri

- RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*-nasumično umnožena polimorfna DNK)-PCR umnožavanje genomske DNK jednim oligonukleotidnim prajmerom koji ima nasumično izabranu sekvencu, pri čemu nastaju višestruki proizvodi amplifikacije sa lokusa raspoređenih po genomu (Innis i sar., 1990)
- AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism* – polimorfizam dužine amplifikovanihih fragmenata) - bazirano na selekcionom umnožavanju digestijom dobijenih restrikcionihih fragmenata genomske DNK uz pomoć PCR-a.
- SSR (*simple sequence repeat* – ponovci jednostavnih sekvenci) - polimorfizam zasnovan na varijaciji u broju ponovaka

3. Markeri zasnovani na sekvenciranju

- SNP (*single nucleotide polymorphism* – polimorfizam pojedinačnih nukleotida)-polimorfizam zasnovan na razlikama u pojedinačnim DNK bazama izmeđuhomologih fragmenata (nukleotidne substitucije – tranzicije i transverzije) kao i malim insercijama i delecijama (Edwards i sar., 2007)

SSR markeri, poznati i kao *mikrosateliti* su regioni repetitivne nekodirajuće DNK sačinjeni od tandemskih ponovaka sekvenci dužine 1 do 6 bp, rašireni po genomu eukariota i prokariota (Tóth i sar., 2000). Razlika u alelima uzrokovana je varijacijom broja tandemskih sekvenci, nastalom kao posledica mutacija, i rezultira različitom dužinom PCR produkta. Ovom tehnikom može se detektovati i razlika u veličini alela

nastala usled razlike u samo jednom baznom paru. Regioni koji ograničavaju ponovljene sekvence su konzervirani u okviru individua iste vrste i služe za dizajniranje parova lokus-specifičnih prajmera. Pri razvoju SSR markera za soju, najviše se koriste ATT, AT, CTT, CT sekvence (<http://www.ars.usda.gov/News/docs.htm?docid=11256>), ponovljene 9-30 puta. Informativnost SSR markera raste sa njihovom dužinom, što se može objasniti višom stopom mutacija kod dužih mikrosatelita (McConell i sar., 2007). Iako je njihova frekvencija u nekodirajućim regionima znatno veća, zanimljivo je da su u biljnom genomu povezani i sa ne-repetitivnom DNK, često se pojavljuju i u kodirajućim regionima, u okviru gena ili neposrednoj blizini (Morgante i sar., 2002).

Jedinstvenost i značaj SSR markera u studijama identifikacije i genetičke srodnosti proizilazi iz njihove multialelne prirode, kodominantnog nasleđivanja, relativnog obilja, široke pokrivenosti genoma, lake detekcije PCR-om, male količine po etne DNK, i reproducibilnosti između u laboratorija, što ih čini univerzalnim jezikom u kolaborativnom istraživanju (Powell i sar., 1996).

SSR markeri su lokus-specifični u okviru vrste i poznate pozicije u genomu. Uspešno su integrisani u mapu vezanih gena soje, koja je prva verzija formirana na osnovu 606 SSR lokusa, mapiranih kod 3 populacije (Cregan i sar., 1999), a potom i druga verzija mape bazirana na 5 mapirajućih populacija i 1015 SSR lokusa (Song i sar., 2004). Song i sar. (2010) referišu obilje SSR motiva (210990) u genomu soje, od čega su za 33065 SSR lokusa identifikovali genomsku poziciju i prajmer sekvence.

Prvo istraživanje o polimorfizmu i heritabilnosti SSR markera kod biljaka izvedeno je upravo na soji (Akkaya et al., 1992). SSR markeri se intenzivno koriste u studijama utvrđivanja filogenetskih i evolutivnih odnosa i taksonomske pripadnosti vrsta u okviru podroda *Soja* (Wang i sar., 2012), evolucionih interspecijes razlika među predstavnicima divlje, polu-divlje i gajene soje (Li i sar., 2010a; Vu i sar., 2014), protoka gena između u gajene i divlje soje (Kuroda i sar., 2008), genetičke strukture i diverziteta prirodnih populacija (Kuroda i sar., 2009; Lee i sar., 2010) i geografskog obrasca njihovog variranja (Li i sar., 2009).

Mikrosateliti imaju ulogu molekularnih deskriptora - mogu poslužiti za dobijanje tzv. *fingerprint*-a - jedinstvenog dokumenta genotipskog identiteta koji omogućava razlikovanje fenotipski identičnih individua (Giancola i sar., 2002; Tantasawat i sar., 2011). U užem smislu, *fingerprint* se praktično koristi u utvrđivanju genetičke istočnosti

priznatih sorti (Yates i sar., 2012). Obzirom na visoku informativnost i diskriminacionu moć SSR markera, Radna grupa za biohemijske i molekularne tehnike pri UPOV preporučila ih je kao komplementarno sredstvo uz morfološke markere u DUS testiranju koje se sprovodi radi registracije sorti i zaštite prava oplemenjivača (UPOV, 2002).

QTL mapiranjem pomoću SSR markera identifikovani su lokusi kvantitativnih osobina kao što su visina biljke, broj nodusa, dužina vegetacije, veličina semena, sadržaj ulja i proteina (Hyten i sar., 2004; Panthee i sar., 2005; Liu i sar., 2007; Xu i sar., 2011). Asocijativnim mapiranjem identifikovani su SSR markeri povezani sa agronomskim osobinama, parametrima kvaliteta zrna i tolerancijom na abiotički i biotički stres (Shi i sar., 2010; Li i sar., 2011). Identifikacija lokusa kvantitativnih osobina kao i major gena omogućava dalje sprovođenje marker asistiranu selekciju, marker asistiranog povratnog ukrštanja, marker asistiranu rekurentnu selekciju i genomske selekcije (Ribaut i sar., 2010).

SSR markeri su potvrđeni kao informativno i efikasno sredstvo u proučavanju genetičke diverziteta i srodnosti genotipova u kolekcijama. SSR lokusi su uglavnom izvan uticaja selekcije, pa utvrđivanje genetičke diverziteta na osnovu njihove frekvencije daje precizniju sliku o diferencijaciji i varijaciji u populaciji (Cregan i sar., 1994). Komparativne studije efikasnosti različitih marker sistema u proceni diverziteta soje isti u značajno veći i polimorfizam SSR markera u odnosu na RAPD (Doldi i sar., 1997), RFLP (Powell i sar., 1996) i AFLP markere (Singh i sar., 2010), kako za broj alela po lokusu, tako i za indeks diverziteta gena. Giancola i sar. (2002) navode da su koeficijenti sličnosti na osnovu SSR markera niži u odnosu na iste parametre dobijene RAPD i AFLP analizom, i da su SSR podaci najbolje usaglašeni sa pedigreeom. U analizi strukture populacije gajene i divlje soje Li i sar. (2010a) su utvrdili veći u rezoluciji SSR u odnosu na SNP markere. Za dobijanje jednako informativnih procena genetičkih parametara potreban je desetostuko veći broj SNP markera u odnosu na SSR markere (Yu i sar., 2009; Van Inghelandt i sar., 2010), pa SSR markeri ostaju najinformativnija klasa u ispitivanju genetičke diverziteta soje (Yang i sar., 2011).

SSR analizom najviše je proučavan diverzitet azijskih kolekcija germplazme (Li i sar., 2011; Wang i sar., 2006a,b; Ghosh i sar., 2014), severno-američkih (Narvel i sar., 2000; Brown-Guedira i sar., 2000), južno-američkih (Giancola i sar., 2002; Priolli i sar., 2002, 2010; Torres i sar., 2015), dok je svega nekoliko studija obuhvatilo manji broj

evropskih genotipova (Narvel i sar 2000; Brown-Guedira i sar., 2000; Fu i sar., 2007; Hwang i sar., 2008, Iquira i sar., 2010).

Pokazatelji diverziteta koji se naj češće koriste u istraživanjima zasnovanim na polimorfizmu molekularnih markera su: broj alela po lokusu, indeks diverziteta, heterozigotnost, PIC (*polymorphism information content*), alelne frekvencije, proporcija retkih alela i mere sličnosti (distance). Proučavanjem literature dolazi se do saznanja da su najveće vrednosti pokazatelja diverziteta zabeležene u populacijama divlje soje (Lee i sar., 2010; Wang i sar., 2012) a prosečan broj alela po lokusu se kreće i do 25,8 (Lee i sar., 2008). Azijske kolekcije germplazme soje (Cho i sar., 2008; Guo i sar., 2014; Wang i sar., 2008; Yoon i sar., 2009) ispoljavaju veći diverzitet u odnosu na ostale svetske kolekcije (Hudcovicova i Kraic, 2003; Priolli i sar., 2010; Singh i sar., 2010). U okviru azijskog genetičkog fonda, kineska kolekcija pokazuje veći diverzitet u poređenju sa japanskom, posmatrano preko broja ukupnih i specifičnih alela, indeksa diverziteta i genetičke sličnosti (Abe i sar., 2003; Kaga i sar., 2012). Narvel i sar (2000) su, ispitujući diverzitet SSR markera u 39 američkih elitnih (E) i 40 introdukovanih linija (PI), utvrdili 30% veći ukupan broj alela, veći broj alela po lokusu i broj specifičnih alela, veću genetičku distancu u okviru PI nego u okviru E grupe, i najveću distancu između dve posmatrane grupe.

Analizirajući srodnost 168 sorti soje iz Brazila pomoću koeficijenta srodstva i 27 mikrosatelita, Priolli i sar. (2010) su utvrdili nisku ali signifikantnu korelaciju između koeficijenata sličnosti na osnovu SSR markera i koeficijenata srodstva, zaključujući i da su navedeni parametri pouzdani pokazatelji genetičke udaljenosti samo u slučaju kompletiranih pedigre podataka i dovoljnog broja markera.

Geografska komponenta molekularnog diverziteta dominira modelom grupisanja genotipova u ispitivanim kolekcijama. Analizirajući diverzitet i strukturu populacije 100 genotipova soje *edamame*-tipa (tip soje koji se koristi kao povrće) primenom SSR markera, Dong i sar. (2014) utvrdili doslednost u grupisanju genotipova prema geografskom poreklu, pedigreu i boji semenjača, kao i da germplazma iz iste institucije pokazuje trend grupisanja u iste subklustere zbog ustaljenog korišćenja elitnih linija u vlasništvu svake selekcionerske kompanije (Dong i sar., 2014). SSR analizom, Abe i sar. (2003) utvrdili jasno razdvajanje kineskih i japanskih genotipova, zaključujući i da oni predstavljaju dva nezavisna genetička fonda, dok germplazma iz Koreje pokazuje

sli nost sa predstavnicima oba i verovatno predstavlja njihov ancestorski geneti ki fond. SSR analiza koju su sprovedi Yamanaka i sar. (2007) pokazuje da su kineski i japanski genotipovi geneti ki udaljeni ali ne i nezavisni, dok su brazilski klasifikovani kao nezavisni u odnosu na njih. U analizi diverziteta 87 PI i 18 ameri kih preda kih genotipova Brown-Guedira i sar. (2000) su kombinuju i SSR i RAPD markere, utvrdili najstabilnije grupisanje ancestor, saglasno sa pedigreeom i grupom zrenja, dok je geografski obrazac variranja kod PI izostao, s obzirom da nisu birane da precizno prezentuju geografske regione i da su proizvod modernih oplemenjiva kih programa. U analizi diverziteta kanadskih i introdukovanih sorti soje iz tri perioda selekcije, Fu i sar. (2007) su utvrdili neusaglašenost izme u grupisanja kanadskih genotipova i podataka o pedigreeu, izvesno podudaranje modela grupisanja sa podacima o grupi zrenja, i ve i diverzitet kod kanadskih sorti iz kasnijih perioda selekcije.

Ispituju i srodnost kineske i japanske germplazme primenom SSR markera, Guan i sar. (2010) su prou avali 7 kineskih ekotipova soje (205 uzoraka) i 39 japanskih sorti. Geneti ka distanca izme u kineske i japanske grupe bila je ve a nego distanca u okviru kineskih ekotipova, sugerišu i da je japanski geneti ki fond uniforman i jasno diferenciran od kineskog fonda, verovatno zbog ograni ene razmene materijala izme u njih (Zhou i sar., 2002). Wang i sar. (2008) su utvrdili je geneti ka distanca u okviru uzoraka jednog regiona manja od distance izme u regiona i da klju nu ulogu u oblikovanju geneti ke varijacije genotipova imaju geografsko poreklo i ekološki uslovi.

RAPD analizom kineskih primitivnih sorti (sorte koje prethode nau no-zasnovanoj selekciji) iz udaljenih provincija Kine, Chen i Nelson (2005) su utvrdili visoku diferencijaciju uzoraka iz razli itih provincija, predlažu i provinciju kao kriterijum za podelu kolekcije na *core*-setove. Studije sa SSR markerima sugerišu da je u klasifikaciji kineske germplazme ekotip podesniji nego provincija (Li i sar, 2005; Wang i sar., 2006a). Svaki region gajenja obuhvata subregione razli ite po klimatu i tipu zemljišta, i lokalno adaptirane sorte koje predstavljaju ekotipove razli ite po vremenu setve i reakciji na temperaturne uslove i dužinu fotoperioda (Li i sar., 2008).

Singh i sar. (2010), ispituju i SSR diverzitet sorti razli ite fotoperiodske reakcije iz USA, Filipina, Taivana, Indije i Ma arske utvrdili su da obrazac grupisanja pokazuje visoku saglasnost sa fotoperiodskom reakcijom i geografskim poreklom.

3. NAU NI CILJ ISTRAŽIVANJA

3.1. Ciljevi istraživanja

Ciljevi istraživanja su bili:

- evaluacija fenotipske varijabilnosti genotipova soje iz kolekcije Instituta za kukuruz “Zemun Polje” na osnovu morfoloških deskriptora i agronomski značajnih osobina,
- karakterizacija ispitivanih genotipova na molekularno-genetičkom nivou (primenom SSR molekularnih markera),
- procena diverziteta genotipova iz kolekcije i analiza grupisanja primenom multivarijacionih metoda,
- upoređivanje efikasnosti korišćenih tipova markera (morfoloških deskriptora, agronomski značajnih osobina i molekularnih markera) u deskripciji, identifikaciji i diferencijaciji genotipova soje,
- izbor genotipova od značaja za oplemenjivanje na agronomski važne osobine.

3.2. Radna hipoteza

U istraživanju se pošlo od pretpostavke da set od 90 odabranih genotipova iz kolekcije soje Instituta za kukuruz “Zemun Polje” predstavlja reprezentativan uzorak za ocenu diverziteta kolekcije. Genotipovi potiču iz 15 zemalja sveta i predstavljaju pet grupa zrenja dobro prilagođenih našim agroekološkim uslovima. Informacije dobijene fenotipskom evaluacijom, koja se odnosi na opis genotipova pomoću morfoloških deskriptora i analizu agronomski značajnih osobina, poslužiće za sagledavanje divergentnosti genotipova na fenotipskom nivou. Očekuje se da će analiza podataka dobijenih u dvogodišnjim ogledima na dve lokacije identifikovati genotipove superiorne za određene agronomске osobine i doprineti efikasnijem izboru roditeljskih parova za budući program oplemenjivanja. Molekularna analiza poslužiće za dobijanje preciznije slike o polimorfizmu u analiziranim mikrosatelitskim lokusima i genetici koja diferencijaciji ispitivanih genotipova. Pretpostavka je da će sva tri metoda pokazati i određeni nivo saglasnosti sa podacima o pedigreu i geografskom poreklu genotipova, kao i da će rezultati istraživanja ukazati na efikasnost tri primenjena pristupa u proceni diverziteta, deskripciji i diferencijaciji proučavanih genotipova, i pomoći u izboru najpogodnijeg metoda.

4. MATERIJAL I METODE RADA

4.1. Biljni materijal

Po etni eksperimentalni materijal bio je sačinjen od 132 genotipa soje odabrana da predstave diverzitet kolekcije germplazme soje Instituta za kukuruz "Zemun Polje". Izbor materijala izvršen je na osnovu sledećih kriterijuma: geografsko poreklo (broj odabranih genotipova iz različitih zemalja bio je uglavnom proporcionalan njihovoj zastupljenosti u kolekciji), relativna adaptiranost na naše agroekološke uslove i prisustvo specifičnih osobina. Odabrani genotipovi posejani su u toku 2010. godine na lokaciji Zemun Polje u preliminarni ogled. Na osnovu dobijenih rezultata, izdvojeni su genotipovi poželjnih agronomskih osobina – dužine vegetacije prilagođene našim agroekološkim uslovima, zadovoljavajućeg prinosa zrna, tolerantni prema stresnim abiotičkim i biotičkim faktorima spoljašnje sredine, poleganju i osipanju kao i genotipovi specifičnih svojstava. Sortiment veoma kasne vegetacije (grupe zrenja III), iako manje pogodan za naše agro-ekološke uslove, odabran je za dalju evaluaciju kao izvor germplazme za oplemenjivanje na pojedine specifične osobine.

Izdvojeni genotipovi su ocenjeni kao potencijalno značajni za dalji program oplemenjivanja soje i podvrgnuti daljem testiranju. Konačan set sastojao se od 90 uzoraka iz 15 zemalja sveta, i sačinjavale su ga stare i savremene komercijalne sorte, eksperimentalne linije i introdukovana germplazma egzotičnog porekla (tabela 1). Najveći deo materijala činili su uzorci standardnog kvaliteta zrna i tipične morfologije, dok se manji broj genotipova odlikovao pojedinim specifičnim svojstvima: Mini Soja i Canatto (genotipovi sitnog zrna), Chornaja, Black Tokio, Danijela (genotipovi obojene semenjače), Laura, Lana, Kunitz (genotipovi bez Kunitz-tripsin inhibitora u zrnu), PI 416 892 (krupnosemeni genotip crne semenjače, lista sačinjenog od 5 liski) i Barc 11-X (genotip fasciatnog tipa stabla). Genotipovi Gnome, Elf, Hobbit, Sprite i Pixie se karakterišu specifičnom morfologijom koja se ogleda u determinantnom tipu porasta (dt_1dt_1) i tzv. polupatuljastom (*semidwarf*) stablu (Cooper i Mendiola, 2004).

Tabela 1. Proučavani genotipovi soje, status u kolekciji, grupa zrenja, institucija (semenska kompanija/izvor), zemlja porekla i pedigree

R.br.	Genotip	Status	Grupa zrenja	Kompanija	Poreklo	Pedigree
1	Progres	S	00	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy	Poljska	IHAR 78-B
2	Agassiz	S	00	Minnesota AES	SAD	Simpson/N 71-148 (Simpson=Clay / Evans)
3	Evrika	S	00	" - ", A	Kazahstan	Beeson/Merit (Beeson=(Blackhawk/Harosoy)/Kent)
4	Gi 291/70-79	EL	00	Semundo Mais S.A.R.L.	Francuska	-
5	Kabott	S	00 ⁺	Department of Agriculture, Central Experimental Farm, Ottawa, Ontario	Kanada	Selekcija iz Mandžurijske linije introdukovane 1933.
6	Ljus	S	00	-	SAD	-
7	Maple Arrow	S	00	Agriculture Canada, Research Station Ottawa, Ontario	Kanada	Harosoy 63 / Holmberg 840-7-3 (PI 438 477)
8	Maple Presto	S	00	Agriculture Canada, Research Station Ottawa, Ontario	Kanada	(Amsoy/Portage)/Holmberg 840-7-3 (PI 438 475)
9	Mini soja	PI	00	-	Kina	-
10	Canatto	S	00	Eastern Cereal and Oilseed Research Centre, Agriculture and Agri-Food Canada, Ottawa, Ontario	Kanada	X655-2/Evans e ₃ (X655-2 selekcija sitnog zrna iz DW-1-15-1/BD22115; DW-1-15-1 selekcija sitnog zrna iz <i>G.soja</i> l M62-173; BD22115 - sestrinska linija M.Presto)
11	PI 180 507	PI	00	-	Kina	Mandschurische Herkunft 238 / Mandschurische Herkunft 413
12	Korana	S	00	Poljoprivredni institut, Osijek	Hrvatska	LP-57-95 / L-98RC
13	Olima	S	00	University of Giessen, Institute of Crop Production and Plant Breeding	Nemačka	-
14	Krajina	S	00	Institut za ratarstvo i povrtarstvo, Novi Sad	Srbija	-
15	FS 2 78	EL	0	FS HiSoy, Growmark, Illinois	SAD	-
16	Afrodita	S	0	Institut za ratarstvo i povrtarstvo, Novi Sad	Srbija	S1346 / Hodgson
17	Apache	S	0	Eastern Cereal and Oilseed research Centre, Agriculture and Agri-food Canada, Ottawa, Ontario	Kanada	(Altona / Calland)/PI 232997 (Calland=(Blackhawk/Harosoy)/Kent) (Altona=Flambeau / 052-903 (= PI 194.654, Holmberg 753-1))
18	Atlas	S	0	Institute de cercetari pentru cereale di plante tehnice – Fundulea (NARDI)	Rumunija	(Portage/Merit)/(Tewels/K 125) (Merit= Blackhawk/Capital)
19	Aura	S	0	KWS	Nemačka	-
20	Black Tokio	PI	0	Banka biljnih gena Jugoslavije	Japan	-
21	Chandor	S	0	-	Francuska	-
22	Dawson	S	0	Minnesota AES i USDA, USA	SAD	Evans/M 63-217Y (=selekcija žutog hiluma iz Hodgson-a)
23	Lucija	S	0	Poljoprivredni institut, Osijek	Hrvatska	(Bara / LR-66) / LR-66
24	F01- 484	S	0	Institute de cercetari pentru cereale di plante tehnice – Fundulea (NARDI)	Rumunija	(Danubian/Jilin)/(Ozzie/Victoria) (Ozzie=Wilkin/M 63-217Y)
25	Julijana	S	0	Poljoprivredni institut, Osijek	Hrvatska	TISA / L-20245
26	Bačka	S	0	Institut za ratarstvo i povrtarstvo, Novi Sad	Srbija	-
27	Issik	S	0	-	Kazahstan	Kirgizanska lokalna sorta
28	K-1	EL	0	-	Kazahstan	-
29	K 2 2	EL	0	-	Kazahstan	-
30	Kanadska 1	EL	0	-	Kanada	-
31	L 1128	EL	0	University of Illinois, Urbana, IL	SAD	-
32	KWS Ilona	S	0	KWS	Nemačka	-

Tabela 1. (Nastavak)

R.br.	Genotip	Status	Grupa zrenja	Kompanija	Poreklo	Pedigre
33	Vita	S	0	Poljoprivredni institut, Osijek	Hrvatska	L-492 / Drina
34	Lambert	S	0	Minesota AES	SAD	M75-274/M76-151 (M75-274=Evans/L70T-543G; M76-151=M70-271/Hodgson 78)
35	Lanka	S	0	a a a a	Rusija	(9186/ 529)/(4958/)
36	OAC Eclipse	S	0	Department of Crop Science, University of Guelph, Guelph, Ontario	Kanada	Maple Arrow/Williams (=Wayne/L57-0034 (=Clark/Adams))
37	L 7/88	EL	0	-	Rusija	-
38	PI 301	EL	0	-	Italija	-
39	PRW 80	EL	0	-	Kanada	-
40	VNIMK 3895	EL	0	- , K	Rusija	(7/ 1)/
41	Turska 1	S	0	-	Turska	-
42	Turska 2	S	0	-	Turska	-
43	Am 3	EL	0	-	SAD	-
44	ZPS 015	S	0	Institut za kukuruz "Zemun Polje"	Srbija	NBSG1 populacija
45	Kolubara	S	0	Institut za ratarstvo i povrtarstvo, Novi Sad	Srbija	-
46	Balkan	S	I	Institut za ratarstvo i povrtarstvo, Novi Sad	Srbija	(Evans/Four)/S1346 (Evans=Merit/Harosoy; S1346=A55-4629-4/PI 257435; A55-4629=Roanoke/Hawkeye; A2506= Northrup King 'S14-60'/ Asgrow 'A3501'.)
47	Chornaja	S	I	-	Bugarska	-
48	Danijela	S	I	-	Bugarska	-
49	Danubian	S	I	Institute de cercetari pentru cereale di plante tehnice-Fundulea (NARDI)	Rumunija	Peterson3100/(Tewels/K125)
50	Hodgson 78	S	I	Minnesota AES	SAD	Kompozit 56 F ₃ linija BC ₆ Merit/Hodgson(=Corsoy/M372 (=Lincoln/Richland)/PI 180.501(=Mandschurische Herkunft/USA54616)
51	Ardin	S	I	Rustica S.P.A.	Italija	-
52	Krizia	S	I	Rustica S.P.A.	Italija	-
53	OS 101	EL	I	Poljoprivredni institut, Osijek	Hrvatska	Ika / L-125-08
54	Ravnica	S	I	Institut za ratarstvo i povrtarstvo, Novi Sad	Srbija	Hodgson/ S1346 (S1346=A55-4629-4/PI 257435; A55-4629-4=Roanoke/Hawkeye)
55	Ika	S	I	Poljoprivredni institut, Osijek	Hrvatska	(Tisa/ L-1504) / L-OS-C-600
56	Shine	S	I	Rustica S.P.A.	Italija	-
57	A 1937	S	I	Asgrow Seed Co., Kalamazoo, Michigan	SAD	Hodgson / L15 (=bc Wayne / Clark 63)
58	Laura	S	I	Institut za kukuruz "Zemun Polje"	Srbija	Kunitz/Novka
59	NK 15 50	S	I	Northrup, King& Company Seed, Syngenta, Minesotta	SAD	-
60	Parker	S	I	Minnesota AES	SAD	A79-136012/Dawson (A79-136012=B216/Land O'Lakes; B216=Corsoy/Wayne)
61	Brock	S	I	Ridgetown College of Agricultural Technology and University of Guelph	Kanada	B 152 / HW 8039 (=Weber/Pella)
62	A 3963	S	II ⁺	Asgrow Seed Co., Kalamazoo, Michigan	SAD	-
63	Dekabig	S	II ⁻	Monsanto (DeKalb)	SAD	-
64	FS BB	EL	II	FS HiSoy, Growmark, Illinois	SAD	-

Tabela 1. (Nastavak)

R.br.	Genotip	Status	Grupa zrenja	Kompanija	Poreklo	Pedigre
65	Gnome	S	II	Ohio ARDC and USDA	SAD	Williams*Ransom(=N55-5931/N55-3818)/D56-1185; N55-5931=D492491/Roanoke(=reselekcija iz kineske PI Nanking))
66	Harosoy	S	II	Dep.of Agriculture, Experimental Station Harrow, Ontario, Canada	Kanada	Mandarin (Otawa) / A.K.(Harrow)
67	HS 302	S	II	FS HiSoy, Growmark, Illinois	SAD	-
68	Kineska	PI	II	Banka biljnih gena Jugoslavije	Kina	-
69	Nikko	S	II	Monsanto (Dekalb)	SAD	-
70	Action	S	II	Rustica S.P.A.	Italija	-
71	Beauty	S	II	Rustica S.P.A.	Italija	-
72	J 4	EL	II	Jaques Seed Company, Prescott, Wisconsin	SAD	-
73	Vertex	S	II	Ohio ARDC, Ohio State University	SAD	Conrad/Hayes (Conrad= (Williams/Essex)/(IVR/Calland); Hayes=Amcor/L24)
74	Volo a	S	II	Selsem, Delta Agrar	Srbija	-
75	Vojvo anka	S	II	Institut za ratarstvo i povrtarstvo, Novi Sad	Srbija	S1346/Hodgson
76	Lana	S	II	Institut za kukuruz "Zemun Polje"	Srbija	Kunitz/Kador
77	Olga	S	II	Institut za kukuruz "Zemun Polje"	Srbija	OS101/ZPS208 (=Hobbit/Platte)
78	Lidija	S	II	Institut za kukuruz "Zemun Polje"	Srbija	(Sibley/A1937)/Kunitz (Sibley=(Evans/Steele)/Hodgson)
79	Nena	S	II	Institut za kukuruz "Zemun Polje"	Srbija	OS101/Elf
80	Zen	S	II	Monsanto (Dekalb)	SAD	-
81	Century	S	II	Purdue, AES, Indiana i USDA	SAD	Calland/Bonus(Calland=C1253(=Blackhawk/Harosoy)/Kent; Bonus=C1266R (=Harosoy/C1079) / C1253 (=Blackhawk/Harosoy))
82	Corsoy	S	II	Iowa AES and USRSL	SAD	Harosoy/Capital
83	KB 231	S	II	Kaltenberg Seed Farms, I.N.C.		-
84	Elf	S	III	Illinois AES, Ohio ARDC i USDA	SAD	Williams/Ransom
85	Hobbit	S	III	Ohio, ARDC and USDA	SAD	Williams/Ransom
86	Kunitz	S	III	Illinois AES and USDA ARS	SAD	Williams 82/PI 157440 (Williams 82=BC ₆ Williams/Kingwa (<i>Rps</i>); PI 157440=Kum Du, S.Korea)
87	Sprite	S	III	ARS, USDA and Ohio ARDC	SAD	Williams/Ransom
88	PI 416 892	PI	III	-	Japan	Goyou Kuro Mame
89	Barc 11-X	PI	III ⁺	University of Illinois	SAD*	Hobbit/L782206 (=L67L113/PI243541; PI 243541 je linija fasciata tipa stabla („Shakujo“, Japan))
90	Pixie	S	III ⁺	Ohio, ARDC and USDA ARS	SAD	Williams/Ransom

S-sorta, EL-eksperimentalna linija, PI-introdukovana germplazma egzoti nog porekla, - materijal registrovan u ranijoj grupi zrenja, + materijal registrovan u kasnijoj grupi zrenja, - – nepoznati podaci; SAD – Sjedinjene Ameri ke Države, AES (Agricultural Experimental Station) – Poljoprivredna eksperimentalna stanica, USDA (United States Department of Agriculture)- Odeljenje za poljoprivredu, SAD; ARS (Agricultural Research Service) – Poljoprivredna istraživa ka služba; ARDC (Agricultural Research and Development Center) – Centar za istraživanje i razvoj u poljoprivredi; * u analizi molekularne varijanse svrstan u geografsku grupu EGZ

4.2. Poljski ogled

Eksperimentalni materijal klasifikovan je prema grupi zrenja, ime je formirano pet uporednih ogleda (tabela 2), postavljenih u toku 2011. i 2012. godine na dve lokacije: školsko dobro Instituta za kukuruz “Zemun Polje” i ogledno polje Poljoprivredne stručne službe „Institut Tamiš“, Pančevo. Ogledi su postavljeni po potpuno slučajnom blok dizajnu (*RCB-randomized complete block design*) u tri ponavljanja. Velicina elementarne parcele iznosila je 5m². Svaki genotip je predstavljen sa dva reda biljaka. Radi eliminisanja efekta kompeticije, posejan je po jedan red izolacije između genotipova. Primenjena je standardna tehnologija gajenja soje. Tip zemljišta na lokalitetu Zemun Polje bio je beskarbonatni černozem, odnosno karbonatni černozem na lesnoj terasi na lokalitetu Pančevo.

Tabela 2. Oznaka ogleda, grupa zrenja, gustina useva i broj genotipova u ogledu

Oznaka ogleda	Grupa zrenja	Gustina useva (biljaka/ha)	R.br. genotipa*	Broj genotipova
GZ 00	00 (veoma rane)	550 000	1-14	14
GZ 0	0 (rane)	500 000	15-45	31
GZ I	I (srednje rane)	450 000	46-61	16
GZ II	II (kasne)	400 000	62-83	22
GZ III	III (veoma kasne)	350 000	84-90	7

*redni broj genotipa iz tabele 1

Godine i lokacije ogleda veoma su se razlikovale u pogledu meteoroloških faktora (tabele 3 i 4). Suma padavina u junu, julu i avgustu 2011. godine (prolazak soje kroz reproduktivnu fazu i kritični period za vodu) bila je trostruko veća nego u 2012. godini na lokaciji Zemun Polje, odnosno skoro četiri puta veća nego u 2012. godini na lokaciji Pančevo. U toku maja i početkom juna 2011. godine nastupili su povoljni vremenski uslovi, donose i obilne padavine, posebno na lokalitetu Pančevo. To je uzrokovalo intenzivan porast nadzemne mase, ali i slabiji razvoj korenovog sistema što se odrazilo na slabo tolerisanje suše. Toplotni uslovi u vegetacionom periodu 2011. su malo odstupali od uobičajenih do sredine jula. Visoke temperature u nastavku vegetacije uslovile su da temperaturna suma bude znatno viša od prosečne, što je u kombinaciji sa nepovoljnim vodnim režimom okarakterisano kao suša različitog

intenziteta na obe lokacije. Najznačajniji nedostatak padavina evidentiran je na lokaciji Zemun Polje u junu, odnosno Pančevo u avgustu.

Tabela 3. Meteorološki uslovi u toku 2011. i 2012. godine registrovani na mernom mestu Zemun Polje - Školsko dobro

Mesec	Zemun Polje			
	2011.		2012.	
	Srednje mesečne temperature vazduha (°C)	Količina padavina (mm/m ²)	Srednje mesečne temperature vazduha (°C)	Količina padavina (mm/m ²)
4.	14,6	14,9	13,0	56,2
5.	17,3	89,6	17,9	58,5
6.	22,3	26,2	24,4	14,8
7.	24,1	44,0	27,1	19,8
8.	24,7	66,0	26,2	4,8
9.	23,2	32,4	22,3	20,7
Vegetacioni period	Tsr=21,06	=273,10	Tsr =21,82	=174,8
		6,7,8= 136,2	6,7,8=39,4	

Tabela 4. Meteorološki uslovi u toku 2011. i 2012. godine registrovani na osmatračkoj stanici Poljoprivredne stručne službe „Institut Tamiš“, Pančevo

Mesec	Pančevo			
	2011.		2012.	
	Srednje mesečne temperature vazduha (°C)	Količina padavina (mm/m ²)	Srednje mesečne temperature vazduha (°C)	Količina padavina (mm/m ²)
4.	14,0	9,3	13,8	86,0
5.	17,7	113,2	18,4	99,8
6.	24,8	93,1	24,3	9,6
7.	22,9	67,0	26,7	37,1
8.	24,1	18,7	25,4	1,5
9.	21,8	29,1	21,1	28,5
Vegetacioni period	Tsr=20,9	=330,4	Tsr =21,6	=262,5
		6,7,8= 178,8	6,7,8=48,2	

Godina 2012. karakterisala se jakom do ekstremnom zemljišnom i vazdušnom sušom. Vegetaciona sezona počinjala je hladnim i suvim prolećem, koje nije pogodovalo nicanju i početnim fazama rasta useva posejanog u uobičajenim rokovima setve. Krajem juna i početkom jula, slab priliv padavina, izuzetno visoke temperature i vetar doveli su do isušivanja površinskog sloja zemljišta i primećeno je zaostajanje biljaka u porastu.

Visoke temperature vazduha uzrokovale su raniji po etak cvetanja i brzo precvetavanje, a deficit zemljišne i vazdušne vlage u vreme cvetanja i oplodnje rezultirao je velikim procentom abortivnosti cvetova. Sli ni uslovi na obe lokacije nastavili su se i u avgustu, kada je soja prolazila kroz faze formiranja mahuna, i nalivanja zrna.

4.2.1. Morfološki deskriptori

Fenotipski opis ispitivanog materijala izvršen je prema UPOV tehni kom vodi u za izvo enje DUS testova za soju (UPOV, 1998). Koriš ene su standardne sorte preporu ene UPOV vodi em, kao i pomo ni crteži i skice. Za osobine koje se ocenjuju na biljci, izvršena je vizuelna ocena grupe biljaka svakog genotipa u toku vegetacije u obe posmatrane godine na obe lokacije. Osobine semena ocenjene su u laboratoriji, nakon berbe i ru ne vršidbe uzoraka.

Ocene deskriptora modifikovane su u odnosu na tehni ki vodi - diskretne karakteristike imaju vrednosti 1 i 2, dok su nominalne multinomijalne ocenjene neparnim brojevima od 1 do n. Modifikacija je izvršena i za deskriptor „tip porasta“ uvo enjem kategorije „fascijata“ koja ne figuriše u UPOV vodi u, s obzorim da ne postoji komercijalni materijal navedenog tipa porasta. Posmatrani deskriptori, nivoi fenotipske ekspresije (kategorije) i ocene nivoa dati su u tabeli 6.

Faze razvi a u kojima se vrše zapažanja svakog deskriptora date su u tehni kom vodi u, preuzeto od Meier (1997), publikovano na engleskom (Munger i sar., 1997).

Hipokotil: obojenost antocijanima – zapažanje se vrši u fazi razvoja listova na glavnom stablu nakon otpadanja kotiledonih listi a.

Biljka

– tip porasta: zapažanje se vrši tako što se na po etku faze cvetanja ozna ava vrh biljke, da bi se u fazi pune zrelosti izbrojao broj nodusa iznad ozna enog dela. Upore ivanjem ovog broja sa istim parametrom izmerenim kod varijeteta propisanih kao standard za odre eni tip porasta donosi se kona na ocena ove osobine.

– habitus: zapaža se u fazi punog cvetanja, kada je otvoreno više od 60% cvetova kod determinantnih, odnosno glavnog perioda cvetanja kod indeterminantnih sorti.

– boja malja na glavnom stablu zapaža se na srednjoj tre ini stabla, u fazi sazrevanja, 50% mahuna zrelo, zrna su kona ne boje, suva i tvrda za determinantne, odnosno glavnom periodu sazrevanja mahuna i zrna za indeterminantne sorte.

Tabela 5. Naziv deskriptora, kategorije i vizuelne ocene kategorija

Deskriptor		Kategorija deskriptora i vizuelna ocena
Hipokotil	Obojenost antocijanima	prisutna (1) odsutna (2)
Biljka	Habitus	uspravan (1) uspravan do polu-uspravan (3) polu-uspravan (5) polu-uspravan do horizontalan (7)
	Tip porasta	determinantan (1) semi-determinantan (3) semi-determinantan do indeterminantan (5) indeterminantan (7) fasciata (9)
	Boja malja na glavnom stablu	žute (1) sive (2)
List	Naboranost	odsutna ili veoma slaba (1) slaba (3) srednja (5) jaka (7)
	Oblik bo ne liske	lancetast (1) trouglast (3) ovalan zašiljen (5) ovalan zaobljen (7)
	Veli ina bo ne liske	mala (1) srednja (3) velika (5)
	Intenzitet zelene boje	svetao (1) srednji (3) taman (5)
Cvet	Boja	ljubi asta (1) bela (2)
Mahuna	Intenzitet braon boje	svetao (1) srednji (3) taman (5)
Seme	Veli ina semena	sitno (1) srednje (3) krupno (5)
	Oblik semena	okuglo (1) okruglo-spljošteno (3) izduženo (5) izduženo-spljošteno (7)
	Boja semenja e	žuta (1) žuto-zelena (3) maslinasta (5) braon (7) crna (9)
	Sjaj semenja e	sjajna (1) mat (2)
	Boja hiluma	žut (1) braon (3) svetlo-braon (5) tamno braon (7) crvenkast (9) maslinast (11) sivo-crn (13) crn (15)
	Boja hilumovog funikla	kao boja semenja e(1) razli ita od boje semenja e (2)

List: zapaža se u fazi punog cvetanja, kada je otvoreno više od 60% cvetova kod determinantnih, odnosno glavnog perioda cvetanja kod indeterminantnih sorti.

Cvet: boja – zapaža se u fazi punog cvetanja (za determinantne-otvoreno više od 60% cvetova; za indeterminantne - glavni period cvetanja)

Mahuna: intenzitet braon boje - zapažanje se vrši u u fazi sazrevanja, kada je 50% mahuna zrelo, zrna su kona ne boje, suva i tvrda za determinantne sorte, odnosno glavnom periodu sazrevanja mahuna i zrna za indeterminantne sorte.

Seme: zapažanje su vrši u punoj zrelosti (sve mahune zrele, zrna kona ne boje, suva i tvrda), u laboratoriji, nakon žetve i ru ne vršidbe pojedina nih biljaka.

4.2.2. Agronomski zna ajne osobine

Prou avanje agronomski zna ajnih osobina obuhvatilo je:

- analizu komponenti prinosa i prinosa zrna,
- analizu parametara tehnološkog kvaliteta zrna – sadržaja ulja i proteina.

Za merenje komponenti prinosa i prinosa zrna, od svakog genotipa metodom slu ajnog izbora iz punog sklopa izdvojeno je 25 biljaka po ponavljanju. Vršidba individualnih biljaka obavljena je ru no.

Analizirane su slede e osobine:

- visina biljke (cm)
- broj nodusa na glavnom stablu
- broj mahuna po biljci
- broj zrna po biljci
- prinos zrna po biljci (g)
- masa 1000 zrna (g).

Za merenje sadržaja ukupnih proteina i sadržaja ulja u semenu napravljena je mešavina semena 25 pojedina nih biljaka. Sadržaj ukupnih proteina i ulja u semenu izmeren je nedestruktivnom metodom na ure aju NIRT tehnologije (*near infrared transmission* – bliska infracrvena transmisija) „Infraneo“, Chopin Technologies i izražen kao procenat od apsolutno suvog semena. Merenju je prethodilo korigovanje standardne krive formirane na osnovu fabri kih kalibracija, tj. prilago avanje našem sortimentu, vegetacionoj sezoni i lokalitetu. Korekcija je izvršena izmenom vrednosti nagiba i pomeranja kalibracione krive, na osnovu vrednosti parametara utvr enih klasi nim

laboratorijskim metodama (sadržaj proteina po *Kjeldahl*-u i sadržaj ulja u zrnu po *Soxhlet*-u, oba prema proceduri AOAC (1995)) na validacionom setu od 27 uzoraka sa oba lokaliteta u obe posmatrane godine.

4.3. Karakterizacija genotipova soje molekularnim markerima

Molekularna karakterizacija 90 genotipova soje izvršena je u Laboratoriji za fiziologiju i molekularnu genetiku Instituta za kukuruz „Zemun Polje“, prema standardnim protokolima metoda koje se koriste za soju.

Izolacija i određivanje koncentracije DNK

Za izolaciju genomske DNK je korišćeno seme 1 biljke po genotipu za koju je preciznom proverom svih morfoloških markera utvrđena pripadnost genotipu. Po 6 semena svakog genotipa samleveno je u mlinu za pojedinačno mlevenje uzoraka. 60 mg fine frakcije brašna prebaćeno je u ependorf-tube. Genomska DNK je izolovana po metodi Kamiya i Kiguchi (2003). Uzorak je inkubiran na 55°C 40 minuta u vodenom kupatilu u 0,4 ml pufera za digestiju, 2 µl proteinaze K i 2 µl RNA-aze. DNK ekstrakcija je izvršena sa jednom zapreminom smeše fenol/hloroform/izoamilalkohol u odnosu 25:24:1. Sledi centrifugiranje smeše na 14000 rpm 5 min, prebacivanje gornje faze u nove ependorf tube i taloženje sa 0,3 ml izopropanola. Nakon centrifugiranja (14000 rpm 5 min.) odstranjen je izopropanol dekantovanjem i pipetom. Uzorci su osušeni na sobnoj temperaturi, i rastvoreni u 0,1 ml 0,1 × TE pufera (1mM Tris, pH 8,0; 0,1mM EDTA, pH 8,0).

Koncentracija DNK je određivana na spektrofotometru Shimadzu UV-1601. Uzorci su razblaženi 1000 puta u 0,1 × TE puferu i merena je apsorbanca na talasnim dužinama =230, 260 i 280nm. Koncentracija DNK je izražavana po formuli:

$$C (\mu\text{g } \mu\text{l}^{-1}) = (\text{OD}_{260} \times R \times 50) / 1000$$

gde je: OD_{260} apsorbanca na talasnoj dužini 260nm

R razblaženje uzorka

50 koncentracija 50µg koja ima apsorbanciju OD = 1

isto a uzorka se procenjuje na osnovu odnosa $\text{OD}_{260} / \text{OD}_{230}$ i $\text{OD}_{260} / \text{OD}_{280}$. Ako su odnosi u opsegu 1,8-2,0, DNK je dovoljno ista za analizu.

PCR reakcija

Reakciona smeša za DNK amplifikaciju sastojala se od: 1 jedinice *Taq* polimeraze, 1 × PCR pufera (DreamTaq™ Green Buffer, Fermentas), 2,4 mM MgCl₂, 0,8 mM dNTP, 0,5 μM prajmera (*forward* i *reverse*), 50 ng/μl genomske DNK, i sterilne bidestilovane H₂O dopunjenje do zapremine 25 μl. Za SSR analizu korišten je 21 komercijalni prajmer (*forward* i *reverse*) Metabion Int. AG (tabela 7).

Tabela 6: Sekvence i *linkage*-grupa (LG) korištenih SSR prajmera

Prajmer	<i>Forward</i> sekvenca*	<i>Reverse</i> sekvenca*	LG
Satt 147	CCATCCCTTCCTCCAAATAGAT	CTTCCACACCCTAGTTTAGTGACAA	D1a
Satt 172	AGCCTCCGGTATCACAG	CCTCCTTTCTCCCATTTT	D1b
Satt 009	CCAACCTTGAAATTACTAGAGAAA	CTTACTAGCGTATTAACCCTT	N
Satt 194	GGGCCCAACTGATATTTAATTGTAA	GCGCTTTGTGTTCGATTTTGAT	C1
Satt 225	AAAAATGTGTTAGAGCTTGTGTTGTTA	GCCACACTATTCCAGCCACTAC	A1
Satt 307	GCGCTGGCCTTTAGAAC	GCGTTGTAGGAAATTTGAGTAGTAAG	C2
Satt 308	GCGTTAAGGTTGGCAGGGTGGAAGTG	GCGCAGCTTTATACAAAAATCAACAA	M
Satt 329	GCGGGACGCAAAATTGGATTTAGT	GCGCCGAATAAAACGTGAGAAGT	A2
Satt 167	GATTTACGGGTACTTGGATTCAATA	AGCTACCCAATATGATACTCTACACAGT	K
Satt 173	TGCGCCATTTATTCTTCA	AAGCGAAATCACCTCCTCT	O
Satt 197	CACTGCTTTTTCCCTCTCT	AAGATACCCCCAACATTATTTGTAA	B1
Satt 192	CACCGCTGATTAAGATTTT	CGCTGAGTTGTTTCATC	H
Satt 114	GGGTTATCTCTCCCAATA	ATATGGGATGATAAGGTGAAA	F
Satt 122	AACCAACTTGGAATAGAC	GCTCTCTATCATTCATAATCA	B2
Satt 045	TGGTTTCTACTTTCTATAATTATTT	ATGCCTCTCCCTCCT	E
Satt 406	GCGTGAGCATTTTTGTTT	TGACGGGTTTAATAGCAT	J
Satt 002	TGTGGGTAAAATAGATAAAAAT	TCATTTTGAATCGTTGAA	D2
Satt 191	CGCGATCATGTCTCTG	GGGAGTTGGTGTTCCTTGTG	G
Satt 232	GCGGCGTGAATAGTATACGTTGAGA	GCGGACATAAATGCAATCACTTAAAAAG	L
Satt 127	CGCTTGTAACCCCTGCTAAA	CCATCCTCTGAAACCGTTATCT	I
Satt 228	TCATAACGTAAGAGATGGTAAAAT	CATTATAAGAAAACGTGCTAAAGAG	A2

* podaci o prajmer sekvencama dostupni na <http://soybase.org> (pristup januar 2013.)

Lanana reakcija polimeraze (*Polymerase Chain Reaction* – PCR) sprovedena je u Professional Standard Thermocycler (Biometra) aparatu, u *Touchdown1* programu. Inicijalna denaturacija izvršena je na 95 °C u trajanju od 5 minuta. Potom sledi 15 ciklusa sa sniženjem temperature za 0,5 °C u svakom ciklusu: denaturacija na 95°C 30 s, vezivanje prajmera za ciljne sekvence (annealing) na 63,5°C do 56°C u trajanju od 1

min i elongacija na 72°C u trajanju od 1 minuta. Završetak reakcije ini 25 ciklusa denaturacije na 95°C 30 s, vezivanje prajmera za ciljne sekvence (annealing) na 56°C 1 min, i elongacija na 72°C u trajanju od 1 min.

Poliakrilamid elektroforeza

Proizvodi amplifikacije su razdvojeni na 8% poliakrilamidnom gelu (30% akrilamid/bisakrilamid u odnosu 29 : 1,5 × TBE, 10% APS, TEMED i dd H₂O). Gel je po nalivanju ostavljen da polimerizuje, nakon ega su džepi i isprani destilovanom vodom i nanešeni su uzorci. Koriš en je marker 100 bp DNK ladder (Fermentas). Elektroforeza je izvedena u etvoro-komornom aparatu za vertikalnu poliakrilamid elektroforezu Mini Protean Tetra-Cell (BioRad), u trajanju od 1h:15min. Pufer za elektroforezu sastojao se od 0,5 × TBE pufera (napravljen razblaženjem 5 × TBE pufera - 54g Tris-a, 27g borne kiseline, 20ml 0,5M EDTA, pH 8,0, i destilovana voda do finalne zapremine od 1l). Po završenoj elektroforezi gelovi su preba eni u petri-kutije, potopljeni u destilovanu vodu uz dodatak etidijum-bromida i ostavljeni na mešalici 20 minuta da se oboje. Fotografisanje gelova izvršeno je kamerom BDA Live System, Biometra.

4.4. Statisti ka analiza podataka

4.4.1. Analiza podataka dobijenih morfološkom deskripcijom

Vizuelne ocene 16 morfoloških deskriptora poslužile su za ra unanje *Shannon*-ovog indeksa diverziteta (Perry i McIntosh, 1991), u cilju utvr ivanja nivoa morfološkog diverziteta ispitivanog materijala i pore enja varijabilnosti deskriptora. *Shannon*-ov indeks se po eo primenjivati na polju informacione teorije, a zatim i u ekologiji. *Shannon*-ov indeks diverziteta se izra unava iz slede eg izraza:

$$H' = -\sum_{i=1}^n -P_i \log_2 P_i$$

gde je n - broj nominalnih kategorija deskriptora i P_i - proporcija genotipova u i -toj nominalnoj kategoriji deskriptora. Normalizacija H' izvršena je deljenjem sa maksimalnom vrednoš u ($\log_2 n$), kako bi sve vrednosti indeksa bile u intervalu od 0 do 1 (Perry i McIntosh, 1991).

U cilju sagledavanja geneti kih relacija me u genotipovima, morfološki deskriptori su analizirani pomo u HOMALS (*Homogeneity Analysis by Means of Alternating Least Squares*) procedure, koja je, kao ordinaciona multivarijaciona tehnika, korisna za interpretaciju i grafi ku vizualizaciju nominalnih kategorijalnih podataka. Metodološki je sli na široko koriš enoj analizi glavnih komponenata za kontinuirane podatke. HOMALS procedura se zasniva na tabelama kontingencije gde se kao osnovni rezultat dekompozicije dobijaju koordinate redova i kolona koje se dalje koriste za vizualizaciju rezultata analize. Separacija objekata kod HOMALS procedure se zasniva na tehnici optimizacije koja se koristi kod nelinearne analize glavnih komponenata (Gifi, 1991). Kao rezultat se dobijaju distance izme u objekata koje aproksimiraju ² kvadrat udaljenosti (Beh i Lombardo, 2014). Karakteristi ne vrednosti iz HOMALS procedure pokazuju stepen informacije tj. koli inu objašnjenje varijanse nominalnih kategorijalnih podataka u datim dimenzijama iako aproksimacija tabela kontingencije u manjem broju dimenzija daje najpouzdanije rezultate u interpretativnom smislu.

Vizuelne ocene morfoloških deskriptora upotrebljene su za sagledavanje morfološke udaljenosti genotipova primenom nehijerarhijske klaster analize. Kao mera udaljenosti izmedju parova genotipova koriš ena je proporcija udela zajedni kih nominalnih kategorija. Kako svaki genotip poseduje jednu nominalnu kategoriju odre enog morfološkog deskriptora, udaljenost dobijena pomo u proporcija udela zajedni kih kategorija je istovetna udaljenosti koja se dobija pomo u *simple-matching* koeficijenta (Sokal i Michener, 1958), odnosno $D = 1 - sli nost = 1 - m/n$ gde je m broj zajedni kih nominalnih kategorija deskriptora izme u dva genotipa i n ukupan broj morfoloških deskriptora. Na osnovu dobijene matrice morfološke udaljenosti izme u genotipova konstruisan je dendrogram primenom UPGMA metoda. UPGMA algoritam se sastoji od dva koraka koji se naizmeni no primenjuju dok se svi genotipovi ne grupišu u jednu celinu. U prvom koraku se nalazi par genotipova i i j ija je udaljenost minimalna i svrstava ih u grupu (ij) , nakon ega se izra unava udaljenost izme u dobijene grupe (ij) i svih preostalih genotipova prema slede oj formuli:

$$d_{(i,j)k} = \frac{(d_{ik} + d_{jk})}{2}$$

gde je udaljenost izme u grupe (ij) i genotipa k jednaka prose noj udaljenosti izme u genotipa i i genotipa j , odnosno genotipa j i genotipa k .

4.4.2. Analiza podataka dobijenih evaluacijom agronomskih osobina

Linearni mešoviti model

Podaci o agronomskim osobinama genotipova soje različitih grupa zrenja iz multi-lokacijskih ogleda analizirani su primenom sledećeg linearnog mešovitog modela:

$$y_{ijk} = \mu + \dots_{jk} + g_i + e_j + (ge)_{ij} + v_{ijk}$$

gde y_{ijk} ($i = 1, \dots, I; j = 1, \dots, J; k = 1, \dots, K$) predstavlja vrednost kvantitativne osobine i -tog genotipa u j -toj spoljašnjoj sredini za dati broj ponavljanja k ; μ je efekat opšte sredine; \dots_{jk} je efekat k -tog ponavljanja u okviru j -te spoljašnje sredine; g_i je efekat i -tog genotipa; e_j je efekat j -te spoljašnje sredine; $(ge)_{ij}$ je efekat interakcije i -tog genotipa sa j -tom spoljašnjom sredinom i v_{ijk} predstavlja slučajnu grešku analizirane agronomске osobine.

Kako bi se obuhvatila heterogenost klimatskih i zemljišnih uslova spoljašnjih sredina na kojima su genotipovi ispitivani za analize agronomskih osobina primenjena su četiri linearna mešovita modela sa relaksirajućim pretpostavkama u analizi multilokacijskih podataka:

- model klasične analize varijanse sa fiksnim efektom blokova u okviru spoljašnje sredine (*Model 1*);
- model klasične analize varijanse sa slučajnim efektom blokova u okviru spoljašnje sredine (*Model 2*);
- model sa fiksnim efektom blokova i pretpostavljenom heterogenošću u varijansi kroz spoljašnje sredine (*Model 3*) i
- model sa slučajnim efektom blokova i pretpostavljenom heterogenošću u varijansi kroz spoljašnje sredine (*Model 4*).

Kod svih navedenih modela efekti genotipa, spoljašnje sredine i interakcije genotipa sa spoljašnjom sredinom su tretirani kao fiksni izvor varijacije.

Izbor između kompetitivnih modela je izvršen na osnovu vrednosti *Akaike*-ovog informacionog kriterijuma (AIC) koji se izražava na osnovu sledećih relacija:

$$AIC = -2LL + 2q,$$

gde je LL logaritam vrednosti maksimalne verodostojnosti sa restrikcijom posmatranog modela i q je broj ocenjenih parametara varijansno-kovarijansne matrice. Model sa manjom AIC vrednoš u predstavlja najpoželjniji model za analizu datog seta podataka.

Pošto je efekat genotipa u navedenim linearnim mešovitim modelima tretiran kao fiksni, vrednosti individualnih genotipova su izražene kao *BLUE* ocene, tj. najbolje linearne nepristrasne ocene koje su istovetne "obi nim" srednjim vrednostima iz fiksnog modela analize varijanse kada setovi podataka ne sadrže izgubljene vrednosti (Yan i Rajcan, 2003). *BLUE* ocene su predstavljene kao vrednosti genotipova kroz spoljašnje sredine, a razlike izme u parova genotipova testirane su primenom *Tukey*-evog testa višestrukih upore enja nakon ega je izvršena *Bonferroni*-jeva korekcija vrednosti verovatno a razlika izme u genotipova kako bi se osigurala prevencija statisti ke greške prvog tipa. Za ozna avanje razlika izme u genotipova na 95% pragu zna ajnosti upotrebljen je iterativni algoritam koji dodeljuje ista abecedna slova genotipovima ili grupama genotipova izme u kojih ne postoji statisti ki zna ajna razlika za pretpostavljeni prag zna ajnosti.

Dobijene vrednosti genotipova poslužile su za izra unavanje *Pearson*-ovih linearnih koeficijenata korelacije izme u agronomskih osobina u okviru grupa zrenja. Koeficijenti korelacije i oblik zavisnosti agronomskih osobina predstavljeni su ta kastim dijagramom.

Razlike u strukturi variranja agronomskih osobina genotipova razli itih grupa zrenja su predstavljene pomo u box-plot i prikaza paralelnih kordinata (Inselberg i sar, 1985). U odnosu na standardni box-plot prikaz me ugrupnih razlika, paralelne koordinate pružaju dodatni uvid u varijaciju genotipova, vizualizuju me uzavisnost svojstava i identifikuju ekstremne genotipove za data svojstva.

Analiza interakcije genotipa i spoljašnje sredine

Interakcija genotipa i spoljašnje sredine analizirana je za tri agronomski najzna ajnije osobine (prinos zrna, sadržaj proteina u zrnu i sadržaj ulja u zrnu) primenom linearno-bilinearnog AMMI modela (Gauch i Zobel, 1996). Osnovu za procenu hipotetskih parametara AMMI modela ini matrica vrednosti genotipova u spoljašnjim sredinama (Z) iz koje se dvostrukim centriranjem uklanjaju efekti genotipa i

spoljašnje sredine ime se dobija matrica interakcijskih vrednosti iju višedimenzionalnu i kompleksnu prirodu želimo aproksimirati na manji broj dimenzija.

$$\text{Neka je } Z = \begin{bmatrix} g_{11}^e & g_{12}^e & \cdots & g_{1e}^e \\ g_{21}^e & g_{22}^e & \cdots & g_{2e}^e \\ \cdots & \cdots & \cdots & \cdots \\ g_{g1}^e & g_{g2}^e & \cdots & g_{ge}^e \end{bmatrix} \text{ sa dimenzijom } g \times e \text{ i rangom } r = \min(g-1 \text{ i } e-1)$$

gde je svaka $g \times e$ vrednost definisana kao $y_{ij} - \bar{y}_{i.} - \bar{y}_{.j} + \bar{y}_{..}$ (y_{ij} – vrednost i -tog genotipa u j -toj spoljašnjoj sredini; $\bar{y}_{i.}$ – efekat i -tog genotipa; $\bar{y}_{.j}$ – efekat j -te spoljašnje sredine; $\bar{y}_{..}$ – opšta sredina) hipotetski parametri se procenjuju putem metoda dekompozicije svojstvenih vrednosti-SVD (Eckart & Young, 1936), odnosno $Z = U\Lambda A'$ gde su U i A ortogonalne matrice tj. $U'U = I_{(g \times g)}$, $A'A = I_{(e \times e)}$ i $\Lambda = (\lambda_k)$ ($\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \dots \geq \lambda_r$) je dijagonalna matrica svojstvenih vrednosti izra unatih kao kvadratni koren karakteristi nih vrednosti λ_k^2 ($k = 1, 2, \dots, r$) matrica ZZ' i $Z'Z$. Kolone matrice U su karakteristi ni vektori matrice ZZ' dok su redovi matrice A karakteristi ni vektori matrice $Z'Z$. U cilju grafi kog predstavljanja rezultata AMMI modela, matrica Z se aproksimira matricom \bar{Z} koja ima rang t ($t < r$) i iji elementi su $\bar{z}_{ij} = \sum_{k=1}^t u_{ik} \lambda_k a_{jk}$.

Proporcija varijanse objašnjenje pojedina nim AMMI modelom izra unava se kao

$$\frac{\sum_{i=1}^t \lambda_i^2}{\sum_{i=1}^r \lambda_i^2}. \text{ Test statisti ke zna ajnosti individualnih AMMI modela ura en je u skladu sa}$$

procedurom koju su opisali Hegeman i Johnson (1976).

Bez obzira na broj i statisti ku zna ajnost individualnih AMMI modela odnosno glavnih komponentata za grafi ko prikazivanje rezultata interakcije genotipa i spoljašnje sredine primenjen je AMMI-1 prikaz (Yan i Tinker, 2005) imaju i u vidi sve prednosti primenjenog pristupa (Gauch i Zobel 1996).

Analiza glavnih komponentata

Analiza glavnih komponentata (*Principal Component Analysis - PCA*) je multivarijaciona ordinaciona tehnika iji je osnovni zadatak smanjenje odnosno redukcija više-dimenzionalne prirode matrica podataka. Glavne komponente su ortogonalne sinteti ke promenljive koje sadrže u sebi originalne linearne kombinacije

originalnih promenljivih i i j se zna a j u datim glavnim komponentama meri pomoć u opterećenja odnosno glavnim komponentama. Ukupan broj glavnih komponenta jednak je ukupnom broju originalnih promenljivih.

Algebarska osnova PCA tehnike je istovetna osnovama AMMI modela. Osnovna razlika je u predtretiranju matrice podataka i razlikama u mernoj skali polaznih promenljivih. U opštem slučaju, matrica X je definisana sa n genotipova i p agronomskih svojstava ima sledeći oblik:

$$X = \begin{bmatrix} x_{11} & x_{12} & x_{13} & \cdots & x_{1p} \\ x_{21} & x_{22} & x_{23} & \cdots & x_{2p} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \cdots & \vdots \\ x_{n1} & x_{n2} & x_{n3} & \cdots & x_{np} \end{bmatrix}$$

Efekat različitih skala merenja je uklonjen primenom standardizacije na osnovu sledeće formule: $\hat{x}_i = \frac{x_i - \bar{x}}{s}$ gde je \hat{x}_i standardizovana vrednost i -tog genotipa; \bar{x} srednja vrednost agronomske osobine; s standardna devijacija osobine.

Primena SVD metoda na standardizovanu matricu X daje tri produktne matrice: A , Λ i B' gde je A matrica $n \times r$ ranga, Λ je dijagonalna matrica $r \times r$ dimenzije i B je matrica veličine $r \times p$. Kako su matrice A i B ortogonalne važi da je $A'A = I$ i $B'B = I$. Kolona p matrice B' sadrži svojstvene vektore matrice $X'X$, a dijagonala matrice sadrži vrednosti odgovarajućih svojstvenih vrednosti matrice $X'X$, odnosno vrednosti ukupne varijanse standardizovane matrice podataka raspodeljene po glavnim komponentama.

Produkti SVD dekompozicije matrice X najčešće se prikazuju u formi biplot prikaza (Gower i Hand, 1996). Pošto je najveći broj dobijenih glavnih komponenta opterećen nestrukturiranim delom varijacije podataka ili šumom, za grafički prikaz rezultata PCA tehnike uobičajeno se koriste prve dve glavne komponente. Interpretacija grafičkog prikaza sledi geometrijske principe biplota (Kroonenberg, 1995).

Analiza glavnih komponenti primenjena je za utvrđivanje strukture grupisanja genotipova svih grupa zrenja na osnovu agronomskih osobina, i identifikaciju genotipova superiornih za veliki broj agronomskih osobina u okviru svake ispitivane grupe zrenja.

Klaster analiza

Nehijerarhijska klaster analiza agronomskih osobina je pimenjena za svrstavanje genotipova u grupe na osnovu Euklidove geometrijske udaljenosti (Everitt i sar., 2011):

$$D_{E_{ij}} = \sum_{k=1}^p (x_{ik} - x_{jk})$$

gde je $D_{E_{ij}}$ je Euklidova udaljenost između genotipa i i genotipa j , x_{ik} je vrednost k -te agronomске osobine za i -ti genotip, x_{jk} je vrednost k -te agronomске osobine za j -ti genotip, a p je broj agronomskih osobina.

Geometrijski koncept klaster analize zasniva se na činjenici da je svaki objekat moguće predstaviti kao tačku u p -dimenzionalnom prostoru gde je p broj promenljivih kojima se karakteriše dati objekat odnosno genotip. Klaster analiza je subjektivna multivarijaciona metoda klasifikacije genotipova u homogene grupe i ne pretpostavlja formalnu statističku inferenciju. Za grupiranje genotipova upotrebljen je UPGMA metod potpune vezanosti koji se zasniva na prosečnoj udaljenosti između svih mogućih parova genotipova u dve grupe (klastera). Pri izvođenju ove analize svaka agronomska osobina je normalizovana u odnosu na genotip sa maksimalnom svedenošću između 0-1. Kao osnova za interpretaciju rezultata klaster analize koristi se dendrogram.

4.4.3. Analiza podataka dobijenih molekularnom karakterizacijom

Vizuelnom ocenom proizvoda amplifikacije na gelu, prisustvo SSR alela je kodirano kao 1 a odsustvo kao 0. Tako je dobijena matrica binarnih podataka veličine $X(n, k)$. Statistička analiza rezultata binarnih podataka je uključila procenu genetičke distance između genotipova, multivarijacionu analizu matrice udaljenosti genotipova pomoću nehijerarhijske klaster analize i analize glavnih koordinata, i analizu molekularne varijanse pretpostavljaju i *a priori* klasifikaciju genotipova prema podacima o geografskom poreklu.

Geneti ka udaljenost genotipova

Na osnovu matrice X izra unata je udaljenost izme u genotipova primenom *simple matching* koeficijenta na osnovu slede e formule:

$$S_{SM}^{ij} = \frac{a+b}{a+b+c+d}$$

gde je S_{SM}^{ij} sli nost izme u dva genotipa na osnovu *simple matching* koeficijenta; a - pozitivna podudarnost (1/1) SSR alela; b – nepodudarnost (0/1); c – nepodudarnost (1/0); i d – negativna podudarnost (0/0). Distanca izme u parova genotipova je izražena kao $D_{SM}^{ij} = 1 - S_{SM}^{ij}$.

Multivarijaciona analiza geneti kih distanci genotipova

Iz D_{SM}^{ij} matrice u cilju grupisanja genotipova i vizuelnog prikaza geneti kog diverziteta genotipova ura ena je klaster analiza primenom UPGMA algoritma za gra enje grupa genotipova. Kao komplementaran pristup u analizi geneti ke divergentnosti, primenjena je analiza glavnih koordinata (PCoA) sa ciljem redukcije dimenzije D_{SM}^{ij} matrice na nekoliko interpretativnih glavnih koordinata. PCoA je pogodna metoda za vizualizacije kada postoji nehijerarhijska struktura geneti ke divergentnosti genotipova, tj. kada imamo genotipove koji jasno ne pripadaju ni jednoj od pretpostavljenih grupa genotipova (Lessa, 1990). Sli no drugim ordinacionim multivarijacionim tehnikama, PCoA je pouzdana samo ukoliko se koristi manji broj dimenzija redukovane geneti ke matrice udaljenosti genotipova.

Analiza molekularne varijanse

Analiza molekularne varijanse (AMOVA; Excoffier i sar., 1992) omogu ava podelu matrice geneti kih distanci genotipova na izvore varijacije slede i prethodno definisane hijerarhijske grupe na osnovu geografskih, bioloških ili oplemenjiva kih kriterijuma klasifikacije. U odnosu na klasi nu analizu varijanse kod koje se izra unavaju sume kvadrata (SS) izvora varijacije, kod AMOVA se koriste sume kvadratnih odstupanja (SSD). Sume kvadratnih odstupanja su definisane kao odstupanja od centroida višedimenzionalnog prostora pošto se u analizi koriste geneti ke udaljenosti genotipova.

Model AMOVA se može predstaviti pomoću sledećeg linearnog modela:

$$y_{ijg} = \mu + a_g + b_{ig} + c_{ijg}$$

gde je y_{ijg} - vrednost genotipa j populacije i grupe g ; μ - očekivana srednja vrednost; a - efekat grupe; b - efekat populacije; c - efekat genotipa.

Svi efekti u linearnom AMOVA modelu se tretiraju kao slučajni, aditivni, nekorelisani sa ostalim efektima (σ_a^2 , σ_b^2 , σ_c^2) i ukupnom varijansom posmatranog uzorka odnosno $\sigma^2 = \sigma_a^2 + \sigma_b^2 + \sigma_c^2$ (Excoffier i sar., 1992).

Za svako grupisanje genotipova u stratum ukupna suma kvadrata razlika (SSD) se može predstaviti kao: $SSD_{(ukupno)} = SSD_{(izme\ u\ grupa)} + SSD_{(unutar\ grupa)}$, nakon čega se, sledeći pristup klasične analize varijanse, ocenjuju komponente varijanse izvora varijacije. Sledeći strukturu analize opisanu od strane Cockerham (1969) za različite F statistike, Excoffier i sar., (1992) su predložili merila i formalne testove statističke inferencije postojanja genetičke strukture na različitim hijerarhijskim nivoima. Na primer, sa $\Phi_{ST} = \sigma_a^2 / \sigma^2$ se meri postojanje genetičke strukture na nivou populacija i grupa i testira σ_c^2 ; $\Phi_{ST} = \sigma_b^2 / \sigma_b^2 + \sigma_c^2$ se meri postojanje genetičke strukture na nivou populacija i testira σ_b^2 ; i $\Phi_{CT} = \sigma_a^2 / \sigma^2$ se meri postojanje genetičke strukture na nivou grupa i testira σ_a^2 .

Opšti oblik AMOVA tabela

Izvor varijacije	Stepen slobode	Suma kvadrata	Sredina kvadrata	Očekivana sredina kvadrata	Komponente varijanse
Izme u grupa	$S - 1$	$SS_{(a)}$	$MS_{(a)}$	$n\sigma_a^2 + n\sigma_b^2 + \sigma_c^2$	$\sigma_a^2 = \frac{MS_{(a)} - n\sigma_b^2 - \sigma_c^2}{n}$
Izme u populacija unutar grupa	$P - S$	$SS_{(b)}$	$MS_{(b)}$	$n\sigma_b^2 + \sigma_c^2$	$\sigma_b^2 = \frac{MS_{(b)} - \sigma_c^2}{n}$
Izme u individua unutar populacija	$N - P$	$SS_{(c)}$	$MS_{(c)}$	σ_c^2	$\sigma_c^2 = MS_{(c)}$

n -koeficijenti (n , n' , n'') služe za izračunavanje prosečne veličine uzorka svakog hijerarhijskog nivoa omogućavajući i različit broj individua u populacijama i grupama kao i različit broj populacija u grupama.

Na osnovu Φ statistika se donosi statistička inferencija o genetici koje strukturi u okviru pretpostavljene hijerarhijske strukture. Permutacijom u okviru populacija, populacija u okviru grupa i svih drugih hijerarhijskih nivoa, tj. redova i kolona matrice udaljenosti je moguće proceniti nultu raspodelu komponenti varijansi i pripadajućih statistika kao i formalnih testova statističke značajnosti (Excoffier i sar., 1992).

4.4.4. Saglasnost matrica udaljenosti dobijenih na osnovu tri tipa podataka

U cilju određivanja saglasnosti između u matrici udaljenosti dobijenih na osnovu morfoloških, agronomskih i molekularnih podataka primenjen je *Mantel*-ov test (Mantel, 1967). *Mantel*-ov test predstavlja neparametarski test saglasnosti matrica koje imaju isti rang i sadrže $n(n-1)/2$ vrednosti udaljenosti između objekata. Formulacija *Mantel*-ovog testa data je sledećim izrazom:

$$Z = \sum_{i>j}^n X_{ij}Y_{ij}$$

gde su X_{ij} i Y_{ij} elementi dijagonalne matrice X i Y . Signifikantnost Z test statistike određena je pomoću poređenja originalne vrednosti Z sa raspodelom vrednosti Z nakon 10^3 permutacija. Saglasnost različitih matrica udaljenosti je prikazana pomoću takastog dijagrama. Oblik zavisnosti matrica udaljenosti je prikazan pomoću lokalne neparametarske LOESS regresije (Cleveland 1979).

4.4.5. Programi korišćeni za analize podataka

Statistička analiza podataka dobijenih morfološkom deskripcijom i agronomskom evaluacijom genotipova soje izvršena je primenom programskog jezika R (R Core Team, 2015), upotrebom specifično razvijenih skriptova. Za analizu podataka dobijenih molekularnom karakterizacijom, korišćeni su statistički programi za populaciono-genetičke analize: NTSYS (Rohlf, 2009), MEGA (Tamura i sar., 2007), PHYLIP (Felsenstein, 2005) i ARLEQUIN (Excoffier i Lischer, 2010).

5. REZULTATI I DISKUSIJA

5.1. Varijabilnost morfoloških deskriptora i divergentnost genotipova soje

5.1.1. Distribucija i diverzitet morfoloških deskriptora

Vizuelne ocene 16 morfoloških deskriptora kod 90 genotipova soje date su u prilogu 1. *Shannon*-ov indeks diverziteta (Shannon i Weaver, 1949) je izrađunat u cilju uporeivanja varijabilnosti morfoloških deskriptora. Ovaj parametar je važna karakteristika bilo kojeg tipa markera. Isto se koristi u studijama diverziteta na osnovu morfoloških osobina, kao pokazatelj raznovrsnosti u broju kategorija (*richness*) i uravnoteženosti broja genotipova po kategorijama morfološkog deskriptora (*eveness*). Niske vrednosti H' ukazuju na neravnomernu frekvenciju genotipova u okviru nominalne kategorije deskriptora i odsustvo genetičke diverziteta. U tabeli 7. prikazana je distribucija genotipova po kategorijama deskriptora i *Shannon*-ov indeks diverziteta (H') za svaki deskriptor.

Tabela 7. Distribucija genotipova po deskriptorima i varijabilnost deskriptora

Deskriptor	Oznaka deskriptora	Kategorije	Broj genotipova	Udeo genotipova(%)	H'
Boja hipokotila	BHIP	Bezbojan	31	34	0,93
		Ljubičast	59	66	
Habitus	H	Uspravan	27	30	0,93
		Uspravan do poluuspravan	49	54	
		Poluuspravan	12	13	
		Poluuspravan do horizontalan	2	22	
Tip porasta	TP	Determinantan	9	10	0,56
		Semideterminantan	5	6	
		Semidet. do indeterminantan	9	10	
		Indeterminantan	66	73	
		Fasciata	1	1	
Boja malja	BM	Žute	45	50	1,00
		Sive	45	50	
Naboranost lista	NABL	Slaba	14	16	0,75
		Srednja	54	60	
		Jaka	19	21	
		Vrlo jaka	3	3	

Tabela 7. (nastavak)

Deskriptor	Oznaka deskriptora	Kategorije	Broj genotipova	Udeo genotipova(%)	H'
Oblik bo ne liske	OBL	Lancetast	1	1	0,68
		Jajast zašiljen	47	52	
		Jajast zaobljen	42	47	
Veli ina bo ne liske	VBL	Mala	22	24	0,98
		Srednja	33	37	
		Velika	35	39	
Intenz. zelene boje lista	IZBL	Svetao	13	14	0,90
		Srednji	47	52	
		Taman	30	33	
Boja cveta	BCV	Beli	31	34	0,93
		Ljubi ast	59	66	
Intenzitet boje mahune	IBM	Svetla	27	30	1,00
		Srednja	33	37	
		Tamna	30	33	
Veli ina semena	VELS	Sitno	4	4	0,22
		Srednje	85	94	
		Krupno	1	1	
Oblik semena	OS	Okruglo	16	18	0,93
		Okruglo-spljošteno	41	46	
		Izduženo	19	21	
		Izduženo-spljošteno	14	16	
Boja semenja e	BSEM	Žuta	72	80	0,45
		Žuto-zelena	10	11	
		Maslinasta	4	4	
		Crna	3	3	
		Braon	1	1	
Sjaj semenja e	SS	Sjajna	41	46	0,99
		Mat	49	54	
Boja hiluma	BHIL	Žut	24	27	0,87
		Sv.braon	12	13	
		Braon	15	17	
		Tamno braon	12	13	
		Crvenkast	3	3	
		Maslinast	4	4	
		Siv do crn	3	3	
		Crn	16	18	
		Žut do svetlo-braon	1	1	
		Kao boja semenja e	75	83	
Boja hilumovog funikla	BHFN	Razli ita od boje semenja e	15	17	0,65
<i>Prosek</i>					0,80

Bezbojan hipokotil konstatovan je kod 66% genotipova, kao i beli cvet, što se i o ekivalo s obzirom na poznat plejotropan efekat gena za boju cveta na boju hipokotila (Takahashi i sar., 2010). Sli an fenotipski odnos genotipova ljubi astog i belog cveta pronalaze i drugi autori (Perry i McIntosh, 1991; Ramteke i Murlidharan, 2012), što je u saglasnosti sa saznanjima o genetici koja kontroli nasleđivanje ove osobine (genski lokus sa dva alela, od kojih jedan ispoljava punu dominaciju). *Shannon*-ov indeks diverziteta za boju cveta bio je visok i iznosio je 0,93. U literaturi se mogu pronaći različite vrednosti indeksa diverziteta za ovu osobinu od 0,48 (Guo i sar., 2014) do 1,07 (Dong i sar., 2004). Perry i McIntosh (1991) su, opisujući fenotipski diverzitet velike kolekcije genotipova soje iz 15 geografskih centara porekla, utvrdili prosečnu vrednost *Shannon*-ovog indeksa diverziteta za boju cveta 0,82. Najniža vrednost indeksa diverziteta za ovu osobinu koja se nalazi u literaturi utvrđena je u populacijama divlje soje i iznosi 0,49 (Dong i sar., 2001), što je u saglasnosti sa rezultatima Chen i Nelson (2004), koji referišu da je za sve predstavnike *G.soja* zajednički ljubi ast cvet.

Najveći broj genotipova soje imao je uspravan do poluuspravan (54%) ili uspravan (30%) habitus. Slične proporcije genotipova različitog tipa habitusa u svojim studijama iznose i drugi autori (Dong i sar., 2004; Malik, 2011; Ramteke i Murlidharan, 2012; Guo i sar., 2014). Uspravan habitus je karakteristika savremenih sorti i jedna od posledica domestifikacije (Stupar i sar., 2010). Podjednaka distribucija kategorija ovog deskriptora u proučavanim genotipovima uticala je na visoku vrednost *Shannon*-ovog indeksa (0,93). U literaturi se navode različite vrednosti *Shannon*-ovog indeksa diverziteta za ovu osobinu, od niskih (Perry i McIntosh, 1991), do visokih (Dong i sar., 2004; Malik, 2011).

Dominantni tip porasta stabla među u ispitivanim genotipovima bio je indeterminantni tip (73% genotipova), dok je 10% genotipova imalo determinantan porast, 10 % semideterminantan a jedan genotip imao je fasciatan tip stabla. Indeterminantne sorte su tolerantnije na nepovoljne uslove u toku vegetacione sezone, zahvaljujući i sukcesivnom cvetanju, i preklapanju vegetativne i reproduktivne faze (Villalobos-Rodriguez, 1983), pa većina programa selekcije teži stvaranju ovakvih genotipova. Ove sorte su prilagođene na uslove kraja vegetacione sezone, i karakteristične za Kanadu, Evropu, severne regione SAD i Kine, dok se determinatne sorte više gaje u Japanu, Koreji, Južnoj Americi, Indiji i južnim pokrajinama Kine

(Perry i McIntosh, 1991; Yoon i sar., 2000; Guo i sar., 2014). *Shannon*-ov indeks diverziteta bio je nizak i iznosio 0,56. Prou avaju i diverzitet *mini-core* kolekcije soje, Guo i sar. (2014) referišu visok indeks diverziteta za ovu osobinu, dok Perry i McIntosh (1991) saopštavaju da je indeks diverziteta ove osobine imao najve u vrednosti (0,94) u pore enju sa indeksima ostalih 16 kvalitativnih osobina.

Kategorije deskriptora boja malja bile su podjednako raspore ene kod 90 genotipova, tako da je odnos dve fenotipske klase bio 1:1, što je uticalo na visoku vrednost *Shannon*-ovog indeksa (1,00). Evaluacija germplazme soje u svetskim kolekcijama pokazuje razli ite proporcije genotipova sivih i žutih malja (Yoon i sar., 2001; Dong i sar., 2004; Guo i sar., 2014; Perry i McIntosh, 1991). Visoke vrednosti referišu i drugi autori (Yoon i sar., 2001; Dong i sar., 2004; Guo i sar., 2014), dok Perry i McIntosh (1991), pronalaze da je ova osobina imala najve i *Shannon*-ov index diverziteta (0,97) me u 17 prou avanih kvalitativnih osobina.

Prema naboranosti lista, genotipovi su se razdvojili u etiri kategorije; najve i broj genotipova (60%) imao je srednje naboran list, dok je distribucija ostalih klasa ovog deskriptora bila prili no neujedna ena, pa je i vrednost *Shannon*-ovog indeksa iznosila 0,75.

U ispitivanom setu genotipova, samo jedan genotip (Shine) je imao lancetastu lisku, dok su ostali genotipovi imali jajastu zašiljenu (52%) ili zaobljenu bo nu lisku (47%). Vrednost *Shannon*-ovog indeksa diverziteta iznosila je 0,68. Evaluacijom *core* kolekcije soje sa injene od 159 genotipova, Guo i sar. (2014), su utvrdili ujedna ene frekvencije genotipova jajastog i elipsastog oblika lista, i srednji indeks diverziteta (0,57) ove osobine. Perry i McIntosh (1991), su ispituju i grupe genotipova iz 15 geografskih regiona, konstatovali odsustvo predstavnika lancetastih listova u ve ini grupa, i shodno tome, dobili nizak diverzitet oblika lista (0,31).

Proporcije genotipova male, srednje i krupne liske bile su relativno ujedna ene. Perry i McIntosh (1991), su utvrdili ujedna ene frekvencije sorti sitnog i srednjeg lista kod genotipova iz Evrope, Indije i Južne i Centralne Azije, dok su u ostalim regionima sorte srednje veli ine lista inile ve inu (preko 80%). Sorte krupnog lista bile su retke i najviše zastupljene u setu poreklom iz Koreje, što su potvrdili Yoon i sar. (2000). *Shannon*-ov indeks diverziteta za ovu osobinu iznosio je 0,98. Vrednosti *Shannon*-ovog

indeksa diverziteta koje iznosi literatura su uglavnom niske i variraju od 0,44 do 0,66 (Perry i McIntosh, 1991; Yoon i sar., 2000; Malik, 2011).

Najve i broj genotipova (52%) imao je list srednjeg intenziteta zelene boje, što je u saglasnosti sa rezultatima Kumar i sar. (2008), dok su Ramteke i Murlidharan (2012) utvrdili podjednaku zastupljenost genotipova zelenog i tamno-zelenog lista u Indijskoj kolekciji sorti soje. Cui i sar. (2001) referišu ve i sadržaj hlorofila i intenzivniju boju lista severno-amerikih u odnosu na moderne kineske sorte. *Shannon*-ov indeks diverziteta bio je visok i iznosio 0,90.

Proporcije genotipova u fenotipskim klasama za boju mahune bile su uglavnom ujednačene. Perry i McIntosh (1991) navode da u regionu Afrike, Evrope i Južne i Centralne Azije prevlađuju sorte svetle, dok su u ostalim regionima (Amerika, Indija, Koreja, Japan, Kina i SSSR) zastupljene sorte braon mahune. Analizom diverziteta kineskih, japanskih i korejskih sorti soje, Yoon i sar. (2000) utvrdili su ve i udeo genotipova braon, u odnosu na genotipove svetle mahune, i ve u proporciju sorti crne mahune me u korejskim i kineskim genotipovima. Kao i za boju malja, *Shannon*-ov indeks diverziteta za boju mahune je imao maksimalnu vrednost (1,00) u eksperimentu pa se ove dve osobine smatraju deskriptorima sa najvećim diverzitetom. Nešto nižu vrednost indeksa diverziteta boje mahune (0,8) u svom istraživanju dobili su Perry i McIntosh (1991).

Veličina semena predstavlja kvantitativno svojstvo (Hu i sar., 2013), ali se uspešno koristi kao morfološki deskriptor u fenotipskoj karakterizaciji, pri čemu je uobičajena podela na krupno, srednje i sitno seme. Proporcija genotipova srednje krupnog semena (94%) bila je znatno veća u odnosu na proporcije genotipova u ostalim fenotipskim klasama. Genotip PI 416 892 je imao krupno seme, dok su četiri genotipa (Mini Soja, Cannato, Kanadska 1 i Barc 11-X) imali sitno seme. Kaga i sar. (2012) navode da je najveća varijacija veličine semena utvrđena je u okviru japanske kolekcije germplazme soje, gde se veličina semena kretala od 30 g do 775 g. *Shannon*-ov indeks diverziteta bio je nizak i iznosio svega 0,22, jer je distribucija genotipova u klasama deskriptora bila ekstremno pomerenjena u pravcu genotipova srednje krupnog semena.

Većina genotipova (46%) imala je seme okruglo-spljošteno oblika. Vrednost *Shannon*-ovog indeksa diverziteta bila je visoka (0,93). Rezultati ovog istraživanja su u saglasnosti sa rezultatima Dong i sar. (2004) koji su, ispitujući preko 20000 genotipova

soje gajenih u Kini, utvrdili najveću proporciju genotipova okruglo-spljoštenog semena (62%) i visoku vrednost *Shannon*-ovog indeksa diverziteta. Evaluacijom 159 sorti soje na osnovu kvalitativnih morfoloških osobina, Guo i sar. (2014) su utvrdili je vrednost indeksa diverziteta za oblik semena bila na drugom mestu, odmah posle boje hiluma.

Genotipovi žute semenja e su činili većinu ispitivanog seta (80%), dok je manji broj genotipova imao žuto-zelenu (11%), maslinastu (4%), crnu (3%) i braon semenja u (1%). Perry i McIntosh (1991) su u fenotipskoj evaluaciji genotipova soje iz 15 svetskih geografskih regiona utvrdili da je u većini regiona proporcija genotipova žute semenja e bila veća od 60%. Najveći broj genotipova crne i braon semenja e bio je prisutan u sortimentu iz Afrike, Indije i Koreje. Savremene tehnike prerade zahtevaju zrna žute semenja e, pa zato i najveći broj modernih sorti ima ovu boju semenja e. Boja semenja e je u velikoj meri izmenjena domestikacijom (Broich i Palmer, 1980; Stupar, 2010), obzirom da većina predstavnika divlje soje ima crno seme (Dong i sar., 2001). *Shannon*-ov indeks diverziteta za boju semenja e iznosio je 0,45 i bio među nižima u poređenju sa indeksima diverziteta ostalih deskriptora. Niske vrednosti (0,57) u svom radu dobili su i Perry i McIntosh (1991), dok Dong i sar. (2004) iznose da je ovaj indeks imao najveću vrednost u poređenju sa indeksima ostalih morfoloških osobina.

Boja hiluma je bio deskriptor sa najvećim brojem kategorija (9). Većina genotipova imala je žut (27%), crn (18%), braon (17%), svetlo braon (13%) i tamno braon hilum (13%), dok je u ostalim fenotipskim klasama utvrđena manja proporcija genotipova. *Shannon*-ov indeks diverziteta je, uprkos prilično neravnomernoj distribuciji genotipova kroz klase, imao visoku vrednost (0,87), zahvaljujući postojanju većeg broja klasa ovog deskriptora. Analizom diverziteta divlje soje, Dong i sar. (2001) su utvrdili da posle oblika lista, boja hiluma i boja semenja e predstavljaju osobine najvećeg diverziteta. Ispitujući diverzitet sorti soje iz Japana, Kine i Koreje, Yoon i sar. (2000) su zabeležili da su kod korejskih genotipova najveće vrednosti *Shannon*-ovog indeksa diverziteta imale upravo boja semenja e i boja hiluma. Perry i McIntosh (1991) su u fenotipskoj evaluaciji genotipova soje iz 15 svetskih geografskih regiona utvrdili visoke vrednosti indeksa diverziteta za boju hiluma (0,70-0,95).

Frekvencija genotipova u okviru dve fenotipske klase za sjaj semenja e bila je uglavnom ujednačena (46% sjajne i 54% mat semenja e), pa je i *Shannon*-ov indeks za

ovu osobinu bio visok (0,99). Kod najvećeg broja genotipova, boja hilumovog funikla bila je ista kao boja semenja (83%), a *Shannon*-ov indeks diverziteta iznosio je 0,65.

Distribucija genotipova po kategorijama 16 morfoloških deskriptora pokazala je veliki stepen varijacije jednih (BM, VBL, IBM, SS) i manji stepen varijacije drugih deskriptora (TP, VELS, BS). Prosečan indeks diverziteta iznosio je 0,80, indikujući visok morfološki diverzitet proučavanih genotipova soje. Obzirom na heterogen genetički sastav ispitivanog seta, gde su osim elitnih genotipova visoke fenotipske uniformnosti figurisali i introdukovani varijeteti kao i egzoti na germplazma specifičnih morfoloških profila, visok indeks diverziteta dobijen u ovom istraživanju je bio i očekivan. Drugačije rezultate dobili su Giancola i sar (2002), analizom diverziteta 100 sorti soje u komercijalnoj upotrebi u Argentini. Prethodni autori su utvrdili nizak prosečan indeks diverziteta na osnovu DUS deskriptora (0,204) i zaključili da je za uspešnu identifikaciju i diferencijaciju varijeteta neophodna i komplementarna upotreba DNK *fingerprinting*-a, posebno sa porastom broja sorti kandidata za registraciju i zaštitu.

5.1.2. Analiza homogenosti (HOMALS) genotipova soje na osnovu morfoloških deskriptora

Analiza homogenosti slična je korespondencionalnoj, ali nije ograničena na 2×2 tabele kontingencije i u literaturi je poznata kao višestruka korespondencionalna analiza. Prednost HOMALS analize u odnosu na standardnu PCA je što se može primeniti na nominalne kategorijalne promenljive, izmeću u kojih ne postoji linearna zavisnost (Meulman i Heiser, 2001).

Procena diverziteta genotipova soje na osnovu morfoloških deskriptora izvršena je primenom analize homogenosti poznate pod akronimom HOMALS (*homogeneity analysis by means of alternating least squares*). Analiza homogenosti je bazična tehnika u Gifi sistemu deskriptivne nelinearne multivarijacione statistike (Gifi, 1991), koji se karakteriše optimalnim skaliranjem kategorijalnih varijabli. Kao rezultat nastaju distance izmeću objekata koje aproksimiraju \sum kvadrat udaljenosti (Beh i Lombardo, 2014). HOMALS analiza kvantifikuje nominalne kategorijalne podatke dodeljujući im numeričke vrednosti objektima (genotipovima) i kategorijama varijabli (kategorijama deskriptora), tako da su kvantifikacije kategorija centroidi objekat-skorova korigovani

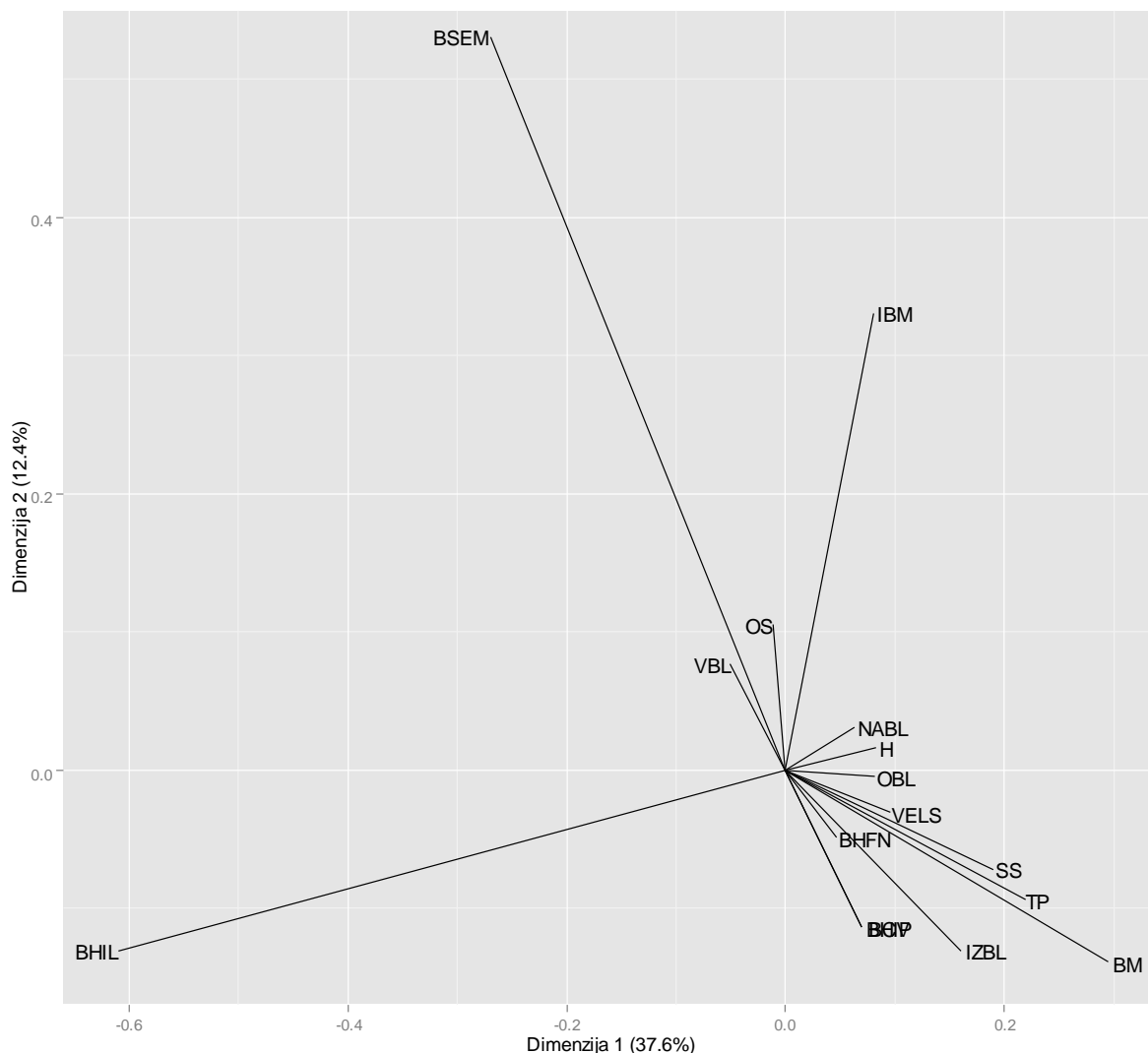
za uticaj ostalih varijabli u setu, a objekat-skorovi predstavljaju sredine kvantifikovanih kategorija kojima taj objekat pripada. Pomoću skorova se konstruiše geometrijski prikaz me uzavisnosti podataka u nisko-dimenzionalnom Euklidskom prostoru (Beh i Lombardo, 2014).

Analiza homogenosti omoguće grupisanja objekata u istoj kategoriji blisko, dok se objekti iz različitih kategorija raspoređuju na meću sobnoj udaljenosti. Udaljenost između dva objekta zavisi od sličnosti njihovih profila. Kategorije dele objekte u homogene grupe, tako da je svaki objekt što je moguće bliži takma kategorija koje sadrže taj objekt. Udaljenost objekta od koordinatnog položaja reflektuje odstupanje od prosečnog obrasca koji odgovara najfrekventnijoj kategoriji za svaku varijablu, pa se objekti sa jedinstvenim profilima bitno locirani dalje od koordinatnog položaja, dok se objekti sa profilima sličnim prosečnom bitno raspoređeni u blizini koordinatnog položaja (Michailidis i De Leeuw, 1998).

5.1.2.1. Diskriminaciona moć deskriptora

Dve dimenzije obuhvatile su 50% ukupne varijabilnosti optimalno skaliranih kategorijalnih podataka (grafikon 1). Prva dimenzija se odnosi na deskriptore BHIL i BM, a u manjoj meri i na TP i IZBL. Ovi deskriptori imaju veći odsečak na prvoj, a manji na drugoj osi, diferenciraju i genotipove prema boji malja, boji hiluma i u određenoj meri prema tipu porasta stabla i intenzitetu boje lista. Druga dimenzija bila je povezana sa deskriptorima IBM i BSEM, koji su imali visoke vrednosti na drugoj osi, a male na prvoj, diferenciraju i genotipove prema boji semenja i intenzitetu boje mahune. Osobine sa najvećim pozitivnim i negativnim učešćem na osama daju najveći doprinos diverzitetu i najbolje diferenciraju genotipove (Malik i sar., 2014).

Na osnovu prve dve dimenzije HOMALS analize, zaključuje se da su deskriptori locirani u blizini koordinatnog položaja (VBL, OS, NABL, H, OBL, VEL, BHF, BCV i BHIP) pokazali slabu diskriminacionu moć, karakterišu se kratkim vektorima. Doprinos navedenih deskriptora ukupnoj varijabilnosti sadržan u dve ose bio je mali, ukazuju i na manju važnost ovih deskriptora u razlikovanju i identifikaciji genotipova soje ispitivanih u ovom istraživanju. Deskriptori BCV i BHIP imali su identične koordinate u dvodimenzionalnom prostoru, obzirom da je za nasleđivanje odgovoran gen sa plejotropnim efektom (Takahashi i sar., 2010).



Grafikon 1. Diskriminaciona mo deskriptora (oznake i naziv deskriptora dati su u tabeli 7)

Diskriminaciona mo varijable predstavlja varijansu kvantifikovane varijable (deskriptora) duž date dimenzije. Velika diskriminaciona mo odgovara velikoj disperziji kategorija deskriptora u datoj dimenziji i ve o j dužini vektora deskriptora. Deskriptori kratkih vektora manje variraju me u genotipovima, odnosno imaju manju diskriminacionu mo . Za osobine kao što su: boja hiluma (BHIL), boja semenja e (BSEM), boja malja (BM) intenzitet boje mahune (IBM) konstatovana je najve a dužina vektora. Nešto manju diskriminacionu mo pokazao je i tip porasta stabla (TP). To ukazuje da ove osobine imaju najve u varijabilnost, a time i mo diskriminacije me u genotipovima. Deskriptori visoke diskriminacione mo i su važni markeri u evaluaciji i

klasifikaciji germplazme, studijama diverziteta, razlikovanju varijeteta a posebno u formiranju *core*-kolekcija (Malik i sar., 2014). Identifikacija ovakvih deskriptora omoguava izbor manjeg broja osobina na osnovu kojih e se formirati *core* kolekcija. Osobine koje dobro diskriminišu genotipove od znaaja su i u sistemu registracije sorti i zaštite oplemenjivakih prava, posebno kad se radi o biljnim vrstama ograniene geneti ke varijabilnosti kao što je soja (Giancola i sar., 2002).

5.1.2.2. Grupisanje genotipova soje na osnovu HOMALS analize

Udaljenost izmeu ta aka dva genotipa zavisi od sli nosti njihovih profila. Idealno, genotipovi koji pripadaju istoj kategoriji odre enog deskriptora imaju sli ne objekat-skorove i grupisani su na manjoj me usobnoj udaljenosti. HOMALS analiza je svrsishodna kod homogenih varijabli, tj. varijabli koje dele genotipove u grupe sa istim ili sli nim kategorijama deskriptora (grupe sli nih profila).

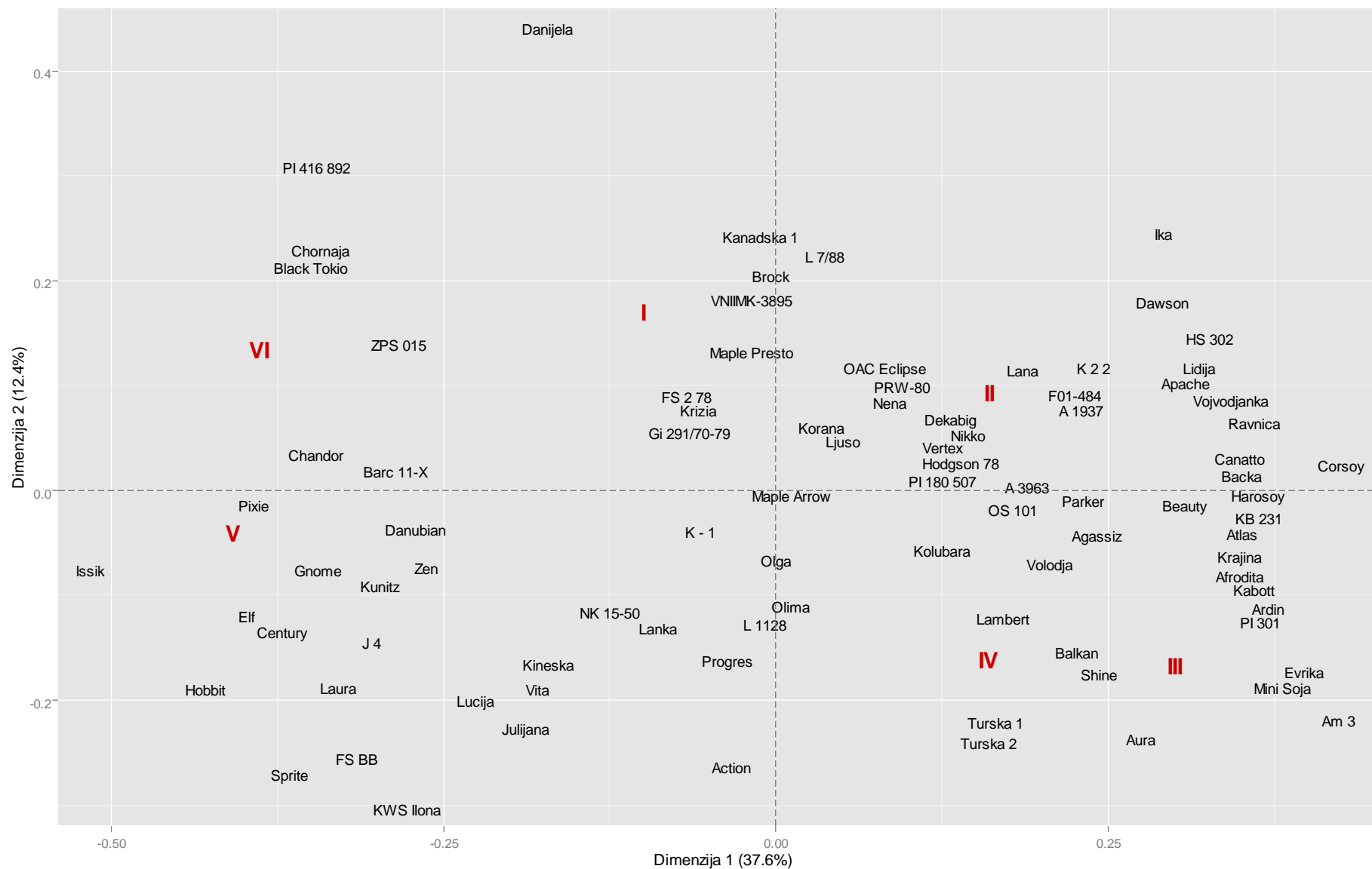
Prou avani deskriptori pokazali su zna ajnu varijaciju kod genotipova, uti u i na njihovu široku disperziju duž dve ose (grafikon 2). Prva osa objasnila je najve i deo ukupne varijabilnosti (37,6%), dok je drugom osom objašnjeno 12,4% morfološke varijabilnosti sadržane u originalnom setu podataka.

Genotipovi sli nih profila za morfološke deskriptore svrstali su se u homogene i umereno razdvojene grupe:

Grupa I - genotipovi žutih malja i braon ili tamno braon hiluma: 7//88, Brock, VNIMK 3895, Maple Presto, OAC Eclipse, PRW 80, FS-2-78, Nena, Krizia, Gi 291/70-79, Korana, Ljuso, Maple Arrow, K-1, Olga, Olima, L 1128, Progres.

Grupa II - genotipovi žutog ili svetlo braon hiluma, žute semenja e, tamne mahune i indeterminantnog porasta: Lana, F01- 484, A 1937, Dekabig, Vertex, Nikko, Hodgson 78.

Grupa III - genotipovi sivih malja, žutog hiluma, žute semenja e i indeterminantnog porasta: Apache, Lidija, Vojvo anka, Ravnica, Canatto, Ba ka, Corsoy, Harosoy, Beauty, KB 231, Atlas, Krajina, Afrodita, Kabott, Ardin, PI 301, Evrika, Mini Soja, Turska 1, Am 3.



Grafikon 2: Distribucija 90 genotipova soje na osnovu HOMALS analize morfoloških deskriptora

Grupa IV - genotipovi sivih malja, svetlo braon hiluma, indeterminantnog tipa porasta, žute semenja e: Parker, OS 101, Agassiz, Volo a, Lambert, Balkan, Shine, Aura.

Grupa V - genotipovi žutih malja, crnog hiluma, determinantnog (Pixie, Hobbit, Elf, Sprite, Gnome, Barc 11-X) ili indeterminantnog tipa porasta (Kunitz, Zen, Century, FS BB, Laura, Danubian, J 4).

Grupa VI - genotipovi obojene semenja e (crna, braon, maslinasta): Danijela, PI 416 892, Kanadska 1, ornaja, Black Tokio, ZPS 015, Chandor.

Genotipovi sa jedinstvenim profilima bili su pozicionirani na ve oj udaljenosti od koordinatnog po etka. Kod ovih genotipova utvr eno je prisustvo odre enih kategorija deskriptora koje se odnose isklju ivo na dati genotip (Danijela - braon semenja a, PI 416 892- krupno zrno). Na osnovu plota objekat skorova, nisu utvr eni genotipovi sa identitnim objekat skorovima, odnosno identitnim profilima.

Genotipovi sa profilima sli nim „prose nom genotipu“, tj sa ve im brojem karakteristika koje odgovaraju naj eš oj kategoriji, bili su raspore eni blizu koordinatnog po etka. Me u njima se izdvaja genotip Maple Arrow, u neposrednoj blizini koordinatnog po etka. Deskriptori koji karakterišu ovaj genotip su: ljubi ast cvet, žute malje, ljubi ast hipokotil, tamno-braon hilum, boja hilumovog funikla ista kao boja semenja e, semenja a žute boje i mat, srednja veli ina zrna okruglo-spljoštenog oblika, srednje naboran list, bo na liska mala, jajasto-zašiljenog oblika i srednjeg intenziteta zelene boje, tamna mahuna, habitus uspravan i indeterminantan porast.

Poznato je da genotipovi poreklom iz istog oplemenjiva kog programa pokazuju izvesni nivo geneti ke srodnosti. Prilikom odabira roditeljskih genotipova za ukrštanje, izbor se svodi na materijal u okviru lokalne kolekcije, adaptiran na sli ne klimatske uslove regiona i fenotipski prili no uniforman. Osim toga, sli ni ciljevi selekcije u okviru razli itih programa u istom regionu vode fenotipskoj sli nosti stvorenih sorti (Perišić, 2014). Tako je npr. žuta boja semenja e dominantna u domaćem sortimentu, jer prera iva ka industrija zahteva ovo svojstvo; indeterminantan tip porasta je favorizovan u programima selekcije na tolerantnost prema suši itd. Stoga bi se moglo o ekivati da e genotipovi iz istog oplemenjiva kog programa i sli ni po geografskom poreklu pokazati manji diverzitet deskriptora i grupisati se blisko.

Grupisanje genotipova na osnovu HOMALS analize pokazalo je relativno slabu saglasnost sa podacima o pedigreu i informacijama o geografskom poreklu. Najveća konzistencija grupisanja u odnosu na pedigree podatke utvrđena je za grupu V, u kojoj je identifikovano 7 genotipova koji u svojoj genetici osnovi imaju određeni procenat germplazme američke sorte Williams (tabela 1). U okviru grupe I, zapaža se 6 od ukupno 10 kanadskih genotipova, pri čemu Maple Arrow, Maple Presto i OAC Eclipse imaju zajedničke roditelje. U grupu III se svrstalo 5 od 7 genotipova selekcionisanih u Institutu za ratarstvo i povrtarstvo Novi Sad, pri čemu genotipovi Vojvođanka, Ravnica i Afrodita potiču iz iste roditeljske kombinacije, i raspoređeni su u relativnoj blizini američkih genotipova Hodgson 78, Corsoy i Harosoy, koji imaju veći ili manji doprinos njihovoj genetici osnovi. Tri navedena američka genotipa bila su u relativnoj blizini američkih genotipova Dawson, Lambert, Parker, A 1937, rumunske sorte F01-484 i domaća sorte Balkan, sa kojima su povezane po pedigreu.

Iz prethodnog se može zaključiti da je analiza homogenosti grupisala genotipove u većem stepenu prema njihovoj morfološkoj slici i genetici povezivosti, nego prema geografskom poreklu. Odsustvo geografske komponente varijabilnosti iznose i Hegay i sar. (2014) u analizi morfološkog diverziteta varijeteta pasulja. Singh i sar. (1991) navode da se ista struktura varijacije kvalitativnih morfoloških osobina, kao nezavisnih varijabli među kojima nema biološke povezanosti, može pronaći u različitim genetičkim fondovima, pa se time može objasniti odsustvo veze između grupisanja na osnovu deskriptora i geografskog porekla genotipova.

Proučavajući srodnost genotipova ovsa na osnovu varijabilnosti kvalitativnih i kvantitativnih agro-morfoloških osobina, Souza i Sorrells (1991a,b) su utvrdili da je uticaj kvalitativnih osobina na podjelu u različite ekološke grupe znatno veći nego uticaj kvantitativnih, jer kod ove biljne vrste kvalitativne osobine u najvećoj mjeri određuju biološki razvoj pa tako i agronomski značajne osobine, što kod soje nije slučaj. Deskriptori proučavani u ovom radu najčešće nisu direktan predmet selekcije, jer, osim tipa porasta, habitusa i boje semenja, ne predstavljaju agronomski i tehnološki važna svojstva, pa se mogu smatrati oplemenjivim ili neutralnim osobinama koje se slučajno kombinuju kod genotipova različitih programa oplemenjivanja, iz različitih geografskih regiona.

Ako se izuzme grupa V, za koju je utvrđena konzistentnost u grupisanju genotipova u odnosu na pedigree, može se zaključiti da je analiza homogenosti precizno reprezentovala genetičke relacije među genotipovima samo na nivou upoređivanja pojedinih parova. Slično su utvrdili i Roldan-Ruiz i sar. (2001) u komparativnoj studiji efikasnosti morfoloških i molekularnih markera za utvrđivanje srodnosti genotipova. Ijula, gde se povezanost između morfološke sličnosti i srodnosti po pedigreu odnosila samo na pojedine parove genotipova, ali ne i na grupe u celini.

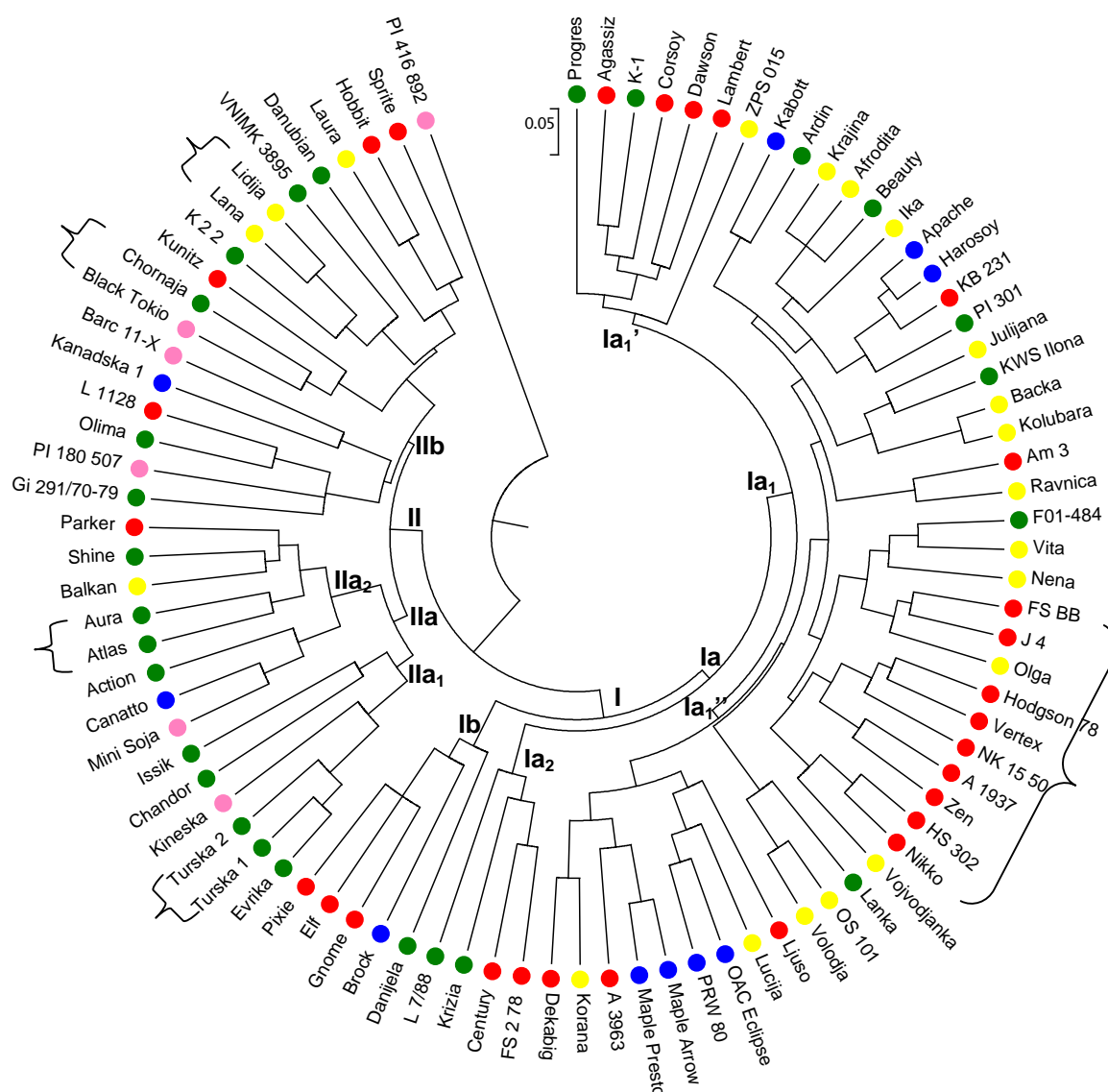
Na osnovu prethodnog moglo bi se zaključiti da je upotreba kvalitativnih morfoloških osobina u proceni genetičkog diverziteta genotipova soje relativno ograničena, jer različiti genetički fondovi imaju morfološki slične genotipove, pa se potvrđuje zaključak Giancola i sar. (2002) da morfološke osobine predstavljaju u najboljem slučaju indirektnu pomoć za ocenu genetičke srodnosti genotipova.

5.1.3. Klaster analiza genotipova soje na osnovu morfoloških deskriptora

Klaster analiza predstavlja grupu multivarijacionih tehnika čiji je cilj grupisanje individua na osnovu njihovih osobina, tako da su slične individue matematički povezane u isti klaster (Hair i sar., 1995). Uspešna klasifikacija podrazumeva visoku homogenost tj. minimum varijabilnosti u okviru iste grupe, i visoku heterogenost tj. maksimum varijabilnosti između različitih grupa (Crossa i Franco, 2004). U osnovi mogu biti: metod na osnovu matrice distanci između genotipova koji daje grafičku prezentaciju (dendrogram) identifikovanih grupa i metod zasnovan na modelu (Mohammadi i Prasanna, 2003).

Matrice distanci između parova genotipova, izražene na osnovu *simple matching* koeficijenta sličnosti (Sokal i Michener, 1958), predstavljene su u prilogu 2. Najmanja genetička distanca (0,063) utvrđena je za parove genotipova: Apache-Harosoy, Baška-Kolubara i Harosoy-KB 231. Najveća genetička udaljenost (1,000) izražena je za parove genotipova Canatto-L 7/88 i Shine-PI 416 892. Prosečna genetička udaljenost svih parova genotipova iznosila je 0,517. Sličnu vrednost (0,423) referišu Giancola i sar. (2002), u analizi srodnosti 100 argentinskih sorti soje na osnovu morfoloških deskriptora.

Na osnovu matrice udaljenosti, prema UPGMA metodi konstruisan je dendrogram prikazan na slici 1.



Slika 1. Dendrogram UPGMA klaster analize 90 genotipova soje na osnovu 16 morfoloških deskriptora (oznake genotipova prema geografskom poreklu: žuta – Srbija i Hrvatska, crvena – SAD, zelena – Evropa i Evroazija, plava – Kanada, roza – Kina i Japan)

Dendrogram na osnovu morfoloških deskriptora grupisao je genotipove soje na dve glavne grupe (I i II) prema boji cveta i boji hipokotila. Prvu grupu čine genotipovi ljubi astog, a drugu genotipovi belog cveta.

U okviru klastera I, genotipovi su dalje grupisani na genotipove dva podklastera - Ia i Ib. Podklaster Ia obuhvata genotipove indeterminantnog tipa porasta (Ia₁) i genotipove semideterminantnog tipa porasta (Ia₂), dok podklaster Ib čine uglavnom

genotipovi determinantnog tipa porasta. Visok nivo separacije genotipa PI 416 892 u odnosu na ostale genotipove ukazuje na specifičan morfološki profil ovog genotipa, koji figuriše kao nezavisan u odnosu na glavni klaster. Svi genotipovi belog cveta (II) bili su dalje podeljeni prema boji malja na genotipove sivih (IIa) i genotipove žutih malja (IIb), uz izuzetak tri genotipa sivih malja u subklasteru IIb.

Generalno posmatrano, u strukturi grupisanja dobijenoj klaster analizom nije utvrđena dominantna geografska komponenta morfološke varijabilnosti. Većina genotipova nije pokazala konzistentno grupisanje u subklaster prema regionu porekla. Izuzetak čini grupa blisko pozicioniranih američkih genotipova u subklasteru Ia₁”, i pojedinačni parovi genotipova istog geografskog porekla (genotipovi Turska 1 i Turska 2; kanadske sorte OAC Eclipse, Maple Arrow, Maple Presto i PRW 80). Druga je rezultate dobili su Yoon i sar. (2000), ispitujući 1830 genotipova soje velike azijske kolekcije i Perry i McIntosh (1991) evaluacijom 2250 genotipova soje poreklom iz 15 svetskih regiona. Prethodni autori referišu da je geografski obrazac varijabilnosti kvalitativnih morfoloških osobina bio jasno uočljiv u strukturi grupisanja dobijenoj klaster analizom.

Studije diverziteta na osnovu morfoloških markera utvrđuju različit nivo saglasnosti modela grupisanja sa podacima o pedigreu (Žarković, 1999; Giancola i sar., 2002). Rezultati ovog istraživanja pokazali su da se grupisanje genotipova u skladu sa pedigreom moglo zapaziti samo za pojedinačne parove genotipova ili malobrojne i slabo-konzistentne grupe u okviru pojedinih subklastera. Genotipovi Olga, Nena, OS 101, Julijana i Vita grupisani su u isti podklaster (Ia₁”) na relativno većoj udaljenosti od sorte Ika, sa kojim su u manjem ili većem stepenu srodstva. U okviru istog podklastera, na nižem nivou sličnosti svrstale su se i sorte Afrodita, Ravnica, Vojvođanka, F01-484 i A 1937, poreklom od američkog genotipa Hodgson 78. Kanadska sorta Apache i genotip Harosoy, koji je učestvovao u njenom stvaranju, svrstali su se u neposrednoj blizini. Posebnu grupu u okviru Ia₁” podklastera predstavlja grupa od 9 genotipova, među kojima su i kanadski genotipovi OAC Eclipse, Maple Arrow, Maple Presto koji vode poreklo od švedskog genotipa Holmberg 840-7-3, i za koje bi se moglo reći da u poređenju sa svim ostalim parovima genotipova srodnih po pedigreu, predstavljaju najkonzistentnije grupisane genotipove.

U subklasteru Ia₁’ zapaža se grupisanje genotipova Agassiz, Dawson, Lambert i Corsoy, koji vode poreklo od stare kanadske sorte Harosoy. U klasteru IIa₂ na ve em nivou sli nosti svrstali su se genotipovi Canatto, Balkan i Parker koji u geneti koj osnovi imaju razli it procent germplazme ameri ke sorte Evans. U subklasteru IIb₂ uo avaju se genotipovi Lana, Lidiya, Laura, Kunitz, Hobbit i Sprite koji u svojoj geneti koj osnovi sadrže germplazmu ameri ke sorte Williams. U podklasteru Ib grupišu se polupatuljasti genotipovi Gnome, Elf i Pixie, koji vode poreklo iz iste roditeljske kombinacije.

Odsustvo konzistentnog grupisanja genotipova sli nog pedigreea može se objasniti injenicom da su genotipovi za koje je utvr en odre en nivo srodnosti po pedigreeu inili uglavnom indirektna potomstva pojedinih roditeljskih genotipova uklju enih u analizu, pa njihov fenotip predstavljaju rekombinacije kategorija morfoloških deskriptora svih genotipova koji su u estvovali u njihovom stvaranju. Nadalje, morfološki deskriptori, kao svojstva koja se uglavnom jednostavno nasle uju i jasno uo avaju na nivou fenotipa, u prvim generacijama samooplodnje naj eš e se biraju tako da obezbede razlikovanje od maj inske komponente radi validacije uspešnosti ukrštanja, a u kasnijim generacijama da obezbede i diferencijaciju i identifikaciju potencijalnih sorti za registraciju u skladu sa DUS protokolom (Giancola i sar., 2002), ime se objašnjava odsustvo morfološke sli nosti roditelja i potomstava.

Grupisanje prema veli ini semena zapaženo je u slu aju genotipova Kanadska 1 i Barc 11-X, odnosno Mini Soja i Canatto, dok su se po boji semenja e blisko grupisali genotipovi Black Tokio i Chornaja.

Iako bi se, prema teoriji, o ekivala komplementarnost dve primenjene analize, struktura grupisanja genotipova na osnovu UPGMA dendrograma bila je u slaboj saglasnost sa strukturom grupisanja dobijenom HOMALS analizom. Ova neusaglašenost objašnjava se diskrepancijom metoda primenjenih za analizu istog seta podataka. Dok je analiza homogenosti klasifikovala genotipove u 6 jasno diferenciranih relativno homogenih grupa, klaster analiza je podelila genotipove na ve i broj manje udaljenih i kompaktnijih grupa.

Obe multivarijacione metode grupisale su genotipove na osnovu njihove morfološke i geneti ke povezanosti, pre nego na osnovu geografskog porekla. Iako je klaster analizom utvr ena slaba konzistencija u grupisanju genotipova u odnosu na

pedigre, može se generalno zaključiti da je navedena analiza ipak pokazala više saglasnosti sa pedigre podacima u odnosu na HOMALS analizu. Messmer i sar. (1992), upoređujući i rezultate dve vrste analiza primenjene na molekularne podatke, utvrdjuju da se klaster analiza pokazala kao osetljivija i pouzdanija za detekciju povezanosti genotipova po pedigreu u odnosu na ostale multivarijacione metode (PCA, PCoA) kada prve dve ili tri ose objašnjavaju manje od 25% varijabilnosti, što se donekle može primeniti i na naše rezultate, s obzirom da je u prve dve ose HOMALS analize sadržan relativno mali procenat (50%) varijabilnosti (grafikon 2).

Analiza homogenosti se pokazala kao bolji metod za analizu morfološke sličnosti genotipova, obezbeđujući i veći stepen izdvajanja genotipova u homogene grupe i identifikujući osobine koje imaju najveći doprinos u razlikovanju genotipova. Takođe, ova analiza omogućila je i razlikovanje fenotipski veoma sličnih varijeteta, koji su se u klaster analizi blisko grupisali.

Dok su u analizi homogenosti deskriptori najveće diskriminacione moći bili BM, BSEM, BHIL i IBM, klaster analiza pokazala je podelu genotipova prema drugim deskriptorima (BCV, BHIP i TP). Iako kvalitativni morfološki deskriptori predstavljaju uglavnom nezavisna obeležja, za dva deskriptora (BCV i BHIP) je poznato da su determinisana istim genskim lokusom, pa je njihova visoka korelativna povezanost verovatno maskirala diskriminativne efekte ostalih osobina u setu, i prouzrokovala drugaciju strukturu grupisanja genotipova u klasteru u odnosu na grupisanje na osnovu HOMALS analize. Zbog toga bi se HOMALS analiza mogla preporučiti kao informativniji, precizniji i tačniji metod za grupisanje genotipova na osnovu morfoloških deskriptora, jer transformacija originalnih podataka pomoću ove analize ograničava naglašeni doprinos pojedinih osobina između kojih postoji jaka biološka povezanost (Abbott i sar., 1985).

5.2. Varijabilnost agronomskih osobina i divergentnost genotipova soje

5.2.1. Deskriptivni statistički pokazatelji agronomskih osobina

5.2.1.1. Analiza varijanse mešovito modela

Izbor modela za analizu varijanse

U svrhu izbora modela za analize agronomskih osobina u prilogu 3 su predstavljene vrednosti Akaikeovog informacionog kriterijuma (AIC) četiri mešovita modela sa relaksiranim pretpostavkama analize multilokacijskih ogleda. Mešoviti model sa fiksnim efektom blokova i pretpostavljenom heterogenošću u varijansi kroz lokacije (Model 3) je identifikovan kao najbolji u 47.5% slučajeva. Model 1, odnosno klasični model sa fiksnim efektima i pretpostavljenom homogenošću u varijansi lokacija je bio najbolji u 40% slučajeva. Model 3 je favorizovan kao najpogodniji za analizu agronomskih svojstava genotipova 00, 0 i II grupe zrenja, a model 1 je identifikovan kao najdominantniji u analizi agronomskih osobina kod genotipova I i III grupe zrenja.

Imajući u vidu rezultate izbora najpogodnijeg mešovito modela smatramo da je izbor modela važan korak u pravilnoj analizi podataka iz multilokacijskih ogleda kako sa aspekta složenosti uslova izvođenja ogleda, preko uzimanja u obzir informacije o različitosti preciznosti eksperimentalnih uslova na korištenim lokacijama, tako i sa aspekta provođenja dalje statističke inferencije fiksnih efekata u modelu (pretpostavljajući i različite standardne greške razlika sredina između upoređenih mešovito modela).

Visina stabla

Primenom mešovito modela analize varijanse utvrđena je visoka značajnost vrednosti F -testa ($p < 0,01$) za efekte genotipa, sredine i njihove interakcije za visinu stabla genotipova soje pet grupa zrenja (tabela 8). Kod grupe III, najveći deo varijacije pripisuje se efektima genotipa, s obzirom da kod determinatnih sorti, koje u jednoj grupi, visina manje varira sa promenama uslova sredine. Kod ostalih grupa, dominantan izvor varijacije bila je spoljašnja sredina, potom genotip, a najmanji interakcija genotip \times spoljašnja sredina. Razlike u visini biljke najvećim delom se pripisuju genotipu, u manjoj meri su rezultat delovanja faktora sredine, dok je uticaj interakcije dva navedena faktora najmanji (Miladinović i sar. 2006a; Rao i sar. 2002).

Iako brojni autori navode da je visina biljke visoko-nasledno svojstvo u kojoj varijaciji genetički faktori imaju veći doprinos od ekoloških (Žilić, 1996; Perić, 2009; Yang i sar., 1995), rezultati ovog istraživanja pokazuju dominantan uticaj faktora spoljašnje sredine koji se objašnjava velikim razlikama godina ispitivanja u pogledu srednjih mesečnih temperatura, te sume i rasporeda padavina.

Tabela 8. Vrednosti *F*-testa iz analize varijanse mešovitog modela za visinu stabla genotipova soje pet grupa zrenja

Izvor varijacije	Grupa zrenja				
	00	0	I	II	III
Genotip (G)	58.9**	48.8**	22.5**	139.1**	711.8**
Sredina (E)	181.8**	831.7**	387.6**	1332.5**	150.6**
G × E	7.6**	8.7**	3.1**	9.5**	15.6**

** statistički visoko značajno na nivou ($p < 0,01$)

Broj nodusa

Analiza varijanse mešovitog modela za broj nodusa kod genotipova pet grupa zrenja pokazala je visoko-značajnu vrednost *F*-testa ($p < 0,01$) za efekte genotipa, sredine i njihove interakcije (tabela 9). Za sve grupe zrenja osim treće utvrđeno je višestruko veći uticaj sredine u odnosu na uticaj genotipa, dok je interakcija genotip × spoljašnja sredina imala najmanji efekat na variranje broja nodusa kod genotipova svih ispitivanih grupa zrenja.

Tabela 9. Vrednosti *F*-testa iz analize varijanse mešovitog modela za broj nodusa genotipova soje 5 grupa zrenja

Izvor varijacije	Grupa zrenja				
	00	0	I	II	III
Genotip (G)	34.1**	34.1**	29.5**	96.1**	331.4**
Sredina (E)	240.2**	349.4**	384.6**	805.8**	78.0**
G × E	6.5**	9.0**	4.2**	6.4**	9.8**

** statistički visoko značajno na nivou ($p < 0,01$)

Kao i za visinu stabla, kod genotipova grupe zrenja III utvrđeno je dominantan uticaj genotipa u variranju osobine, što se objašnjava homogenim genetičkim sastavom ove grupe (uglavnom genotipovi determinantnog porasta) kao i na inom nasleđivanju broja nodusa, koji je determinisan alelima u *Dt* lokusu (Curtis i sar., 2000). Iako broj

nodusa u okviru genotipa ispoljava manju varijaciju i smatra se sortnom osobinom (Peri , 2009; Srebri , 2013), rezultati ovog istraživanja pokazuju da je variranje broja nodusa u najvećoj mjeri zavisilo od faktora spoljašnje sredine, što se pripisuje uslovima ekstremne suše toku 2012. i umerene suše u toku 2011. godine. Suša u vegetativnoj fazi, cvetanju i fazi rasta mahuna izaziva redukciju visine biljke prvenstveno preko dužine internodija ali u značajnoj mjeri i preko broja nodusa (Desclaux i sar., 2000).

Broj mahuna

Analiza varijanse broja mahuna kod genotipova soje proučavanih grupa zrenja ukazuje na visoku statističku značajnost ($p < 0,01$) efekata genotipa, spoljašnje sredine i njihove interakcije za broj mahuna (tabela 10). Spoljašnja sredina je kod svih grupa zrenja bila najvažniji izvor variranja. Manji deo varijacije pripisuje se efektu genotipa, a najmanji udeo u ukupnom variranju imala je interakcija genotipa i spoljašnje sredine.

Tabela 10. Vrednosti *F*-testa iz analize varijanse mešovitog modela za broj mahuna genotipova soje pet grupa zrenja

Izvor varijacije	Grupa zrenja				
	00	0	I	II	III
Genotip (G)	47.7**	20.8**	8.2**	18.3**	83.2**
Sredina (E)	381.7**	420.4**	383.9**	816.5**	109.6**
G × E	4.8**	5.5**	3.6**	5.7**	7.6**

** statistički visoko značajno na nivou ($p < 0,01$)

Broj mahuna je svojstvo niske heritabilnosti (Karasu i sar., 2009), veoma varira u zavisnosti od faktora spoljašnje sredine, i u poređenju sa ostalim predstavlja najvarijabilniju komponentu prinosa (Jovanovi , 1994; Peri , 2009). Stoga je predominantan uticaj spoljašnje sredine kod svih grupa zrenja bio i očekivan, naročito zbog stresnih uslova koji su nastupili u toku vegetacione sezone 2012. Pojava suše u ranim fazama (vegetativni razvoj i početak cvetanja) smanjuje broj mahuna preko redukcije broja cvetova, dok suša u nalivanju dovodi do venjenja i opadanja formiranih mahuna (Desclaux i sar., 2000).

Broj zrna

Analizom varijanse mešovito modela utvrđena je visoka značajnost vrednosti F -testa ($p < 0,01$) za efekte genotipa, sredine i njihove interakcije za broj zrna po biljci genotipova soje pet grupa zrenja (tabela 11). Višestruko veći uticaj spoljašnje sredine u odnosu na uticaj genotipa i interakcije genotip \times spoljašnja sredina utvrđen je za sve, osim za GZ III. U ovoj grupi zrenja, veći deo varijacije broja zrna po biljci pripisuje se efektima genotipa, što je i očekivano s obzirom da većinu u ovoj grupi čine polupatuljasti genotipovi determinantnog tipa porasta, kao i činjenicu da sa tipom porasta stabla najčešće indirektno koreliraju i ostale agronomske osobine, uključujući i broj zrna po biljci. Kod svih grupa zrenja, najmanji uticaj utvrđen je za interakciju genotipa i spoljašnje sredine.

Tabela 11. Vrednosti F -testa iz analize varijanse mešovito modela za broj zrna genotipova soje pet grupa zrenja

Izvor varijacije	Grupa zrenja				
	00	0	I	II	III
Genotip (G)	37.9**	17.0**	19.4**	18.1**	126.3**
Sredina (E)	261.6**	318.3**	381.0**	747.7**	153.9**
G \times E	4.5**	3.9**	3.9**	4.5**	9.7**

** statistički visoko značajno na nivou ($p < 0,01$)

Broj zrna po biljci se smatra najvažnijom komponentom prinosa soje, a zavisi od broja mahuna po biljci i broja zrna po mahuni (Vratari i Sudari, 2008). Najveći deo varijacije prinosa zrna uzrokovan je varijabilnošću u broju zrna (Egli, 2010). Prema podacima iz literature, heritabilnost za broj zrna zavisi od genetičke strukture ispitivanog seta, divergentnosti materijala, kombinacije ukrštanja, uslova testiranja i metode procene, pa vrednosti ovog parametra variraju u širokom intervalu najčešće ne prelaze i 50% (Žilić, 1996; Srebrić, 2013). Prethodno je u saglasnosti sa rezultatima ovog rada, s obzirom da je uticaj sredine na variranje broja zrna kod svih grupa zrenja (osim treće) bio višestruko veći od uticaja genotipa. Preovlađujući uticaj spoljašnje sredine na ovu osobinu je bio i očekivan s obzirom na klimatske uslove u toku dve vegetacione sezone. Stresni uslovi spoljašnje sredine (visoka temperatura i niska zemljišna i vazдушna vlaga) u raznim fazama (cvetanje, formiranje mahuna i zrna i naličanje zrna) različitom i značajno utiču na broj zrna po mahuni i ukupan broj zrna po

biljci (Desclaux i sar., 2000). Kona an broj zrna na biljci zavisi od procesa venjenja i odbacivanja cvetova, nezrelih mahuna i zrna, što u povoljnim uslovima može dosti i 50%, a u nepovoljnim i preko 80 % (Egli, 2010).

Masa 1000 zrna

Analizom varijanse mešovito modela za masu 1000 zrna kod genotipova soje razli itih grupa zrenja utvr ena je visoka statisti ka zna ajnost ($p<0,01$) efekata genotipa, spoljašnje sredine i njihove interakcije (tabela 12).

Tabela 12. Vrednosti F -testa iz analize varijanse mešovito modela za masu 1000 zrna genotipova soje pet grupa zrenja

Izvor varijacije	Grupa zrenja				
	00	0	I	II	III
Genotip (G)	308.9**	65.4**	111.8**	51.0**	546.4**
Sredina (E)	388.9**	752.4**	108.0**	48.8**	17.2**
$G \times E$	7.9**	14.6**	9.4**	7.9**	2.9**

** statisti ki visoko zna ajno na nivou ($p<0,01$)

Kod sorti rane vegetacije (grupe zrenja 00 i 0) variranje mase 1000 zrna bilo je najve im delom uzrokovano faktorima spoljašnje sredine, dok se kod sorti prve i druge grupe uo ava uglavnom podjednak uticaj genotipa i spoljašnje sredine. Ispituju i sorte kratke vegetacije u uslovima Centralne Evrope, Vollmann i sar. (2000a) su utvrdili da je variranje mase 1000 zrna bilo pod znatno ve im uticajem sredine, nego što je bio uticaj genotipa i interakcije genotip \times spoljašnja sredina. Ve a sezonska varijacija sorti ranije vegetacije u pore enju sa kasnijim sortama ukazuje na njihovu ve u osetljivost na sušu u pogledu mase 1000 zrna. Sve faze razvoja kod ranih sorti su kra e, pružaju i tako manje vremena za adaptaciju biljke na stres preko kompenzacije jedne komponente drugom. Osim toga, faze cvetanja, formiranja i nalivanja zrna kod ranih sorti su manje razdvojene, tako da su sorte rane vegetacije u razli itim fazama zrna prolazile kroz uglavnom iste (stresne) uslove spoljašnje sredine koji su vladali u mesecima u kojima se ove faze odvijaju (jun i jul). Ako se upoređi uticaj sredine na broj zrna (tabela 11) i masu 1000 zrna kod sorti duže vegetacije, dolazi se do zaklju ka da je broj zrna po biljci osobina koja više reaguje na promene uslova spoljašnje sredine. Kod kasnijih sorti, biljke su u dužem vremenskom intervalu izložene promenama uslova sredine i

stresnim faktorima za vreme cvetanja i formiranja zrna, dok je izloženost stresu u fazi naliivanja kra a, zbog kra eg trajanja ove faze (Board i sar., 1997). Predominantan uticaj genotipa na varijabilnost osobine utvr en je za polupatuljaste genotipove kasne vegetacije (grupa zrenja III), i može se tuma iti homogenim geneti kim sastavom ove grupe kao i injenicom da je kod ovih genotipova faza naliivanja zrna proticala u znatno povoljnijim klimatskim uslovima (septembar), pa su klimatski faktori imali mnogo manji uticaj od geneti kih.

Prinos zrna

Analiza varijanse mešovito g modela za prinos zrna kod genotipova soje razli itih grupa zrenja ukazuje na visoku statisti ku zna ajnost ($p<0,01$) efekata genotipa, spoljašnje sredine i njihove interakcije za prinos zrna (tabela 13). Kod svih grupa zrenja, najvažniji izvor variranja predstavljala je spoljašnja sredina, potom genotip, a najmanji deo variranja pripisan je efektu interakcije genotipa i spoljašnje sredine.

Tabela 13. Vrednosti *F*-testa iz analize varijanse mešovito g modela za prinos zrna po bljci genotipova soje pet grupa zrenja

Izvor varijacije	Grupa zrenja				
	00	0	I	II	III
Genotip (G)	38.6**	22.6**	23.5**	9.2**	14.3**
Sredina (E)	553.9**	629.1**	385.0**	738.9**	182.2**
G × E	4.9**	4.8**	3.5**	4.8**	4.8**

** statisti ki visoko zna ajno na nivou ($p<0,01$)

Studije varijabilnosti prinosa soje u zavisnosti od sorte, grupe zrenja, godine i lokacije testiranja iznose razli ite vrednosti glavnih efekata i interakcije u ukupnoj varijabilnosti prinosa. Predominantan uticaj sredine na variranje prinosa bio je i o ekivan s obzirom na klimatske uslove u toku 2011. (umerena suša) i 2012. godine (ekstremna suša). Miladinovi i sar. (2006a) su utvrdili da je uticaj spoljašnje sredine na variranje prinosa zrna zna ajno ve i od uticaja sorte, što je u skladu i sa rezultatima ovog istraživanja. Sli no navode uki i sar. (2009b), zaklju uju i da lokalitet gajenja sa svojim klimatskim i zemljišnim uslovima ima ve i uticaj na prinos soje od samog gajenog genotipa. Ispituju i prinos 20 sorti soje u etvorogodišnjim multilokacijskim

ogledima, Rao i sar. (2002) iznose da je efekat genotipa ve i od efekta interakcije genotip \times sredina, što je saglasno rezultatima dobijenim u ovom radu, a da najve i uticaj ima interakcija godina \times lokacija. Nasuprot prethodnim autorima, Karasu i sar. (2009) pronalaze da je interakcija genotip \times spoljašnja sredina bila najve i izvor varijacije za prinos zrna. Analiziraju i uticaj spoljašnje sredine kod 90-125 genotipova soje testiranih višegodišnjim multilokacijskim ogledima, Yan i Rajcan (2002) iznose da je u ukupnoj varijabilnosti prinosa, varijansa interakcije genotip \times sredina bila jednako zna ajna kao i varijansa genotipa.

Sadržaj proteina

Analizom varijanse mešovito modela za sadržaj proteina kod genotipova soje pet grupa zrenja utvr ena je visoka statisti ka zna ajnost ($p < 0,01$) efekata genotipa, spoljašnje sredine i njihove interakcije za prinos zrna (tabela 14). Kod genotipova svih grupa zrenja osim grupe 00, spoljašnja sredina se pokazala kao najvažniji izvor varijacije osobine, dok se manje variranje pripisuje efektima genotipa i interakcije genotip \times spoljašnja sredina.

Tabela 14. Vrednosti F -testa iz analize varijanse mešovito modela za sadržaj proteina genotipova soje pet grupa zrenja

Izvor varijacije	Grupa zrenja				
	00	0	I	II	III
Genotip (G)	86.3**	51.9**	137.3**	71.4**	95.5**
Sredina (E)	83.5**	239.4**	241.8**	509.0**	123.4**
G \times E	5.0**	9.2**	6.4**	5.9**	9.1**

** statisti ki visoko zna ajno na nivou ($p < 0,01$)

Vollmann i sar. (2000a) su u šestogodišnjem ispitivanju sorti rane vegetacije utvrdili da je uticaj godine na sadržaj proteina bio znatno ve i od uticaja genotipa i interakcije genotip \times spoljašnja sredina. Odsustvo interakcija sa izmenom ranga i sli an odgovor genotipova na razli ite uslove u toku godina ispitivanja doprineli su veoma niskoj vrednosti interakcije. Sudari i sar. (2006b) su utvrdili da se najve i deo ukupne varijanse sadržaja proteina pripisuje uticaju sredine, pri emu je uticaj lokacije manji od uticaja godine, znatno manji efektima genotipa a najmanji interakciji genotipa i spoljašnje sredine. Preovla uju i uticaj faktora sredine u ukupnom variranju sadržaja

proteina rezultat je nepovoljnih klimatskih uslova u godinama ispitivanja. Iako je sadržaj proteina geneti ki determinisana osobina i smatra se sortnom karakteristikom, zna ajan deo varijabilnosti pripisuje se dejstvu faktora spoljašnje sredine (Hurburgh, 2000), na prvom mestu temperature i obezbe enosti vlagom (Gibson i Mullen, 1996; Peri i sar., 2013) a potom i obezbe enosti zemljišta azotom (Peri i sar., 2009; Vollmann i sar., 2000a).

Sude i po sl nom uticaju genotipa i sredine na variranje sadržaja proteina, zaklju uje se da su genotipovi najkra e vegetacije (grupa 00) manje reagovali na promene uslova spoljašnje sredine. Kod ovih genotipova je faza naliavanja zrna, kao klju na faza u kojoj se odvijaju sinteze, proticala u uslovima temperatura koje pogoduju sintezi proteina, pa je sinteza proteina bila uglavnom jednako favorizovana kod svih genotipova. Miladinovi i sar., (2006a) su testirali 4 sorte soje stvorene u Srbiji u 6 sredina, i utvrdili da su uticaji genotipa i spoljašnje sredine na ukupnu varijaciju sadržaja proteina bili približno jednaki, dok se najmanji deo varijacije pripisuje interakciji genotip \times spoljašnja sredina.

Sadržaj ulja

Analiza varijanse mešovito g modela za sadržaj ulja kod genotipova soje pet grupa zrenja ukazuje na visoku statisti ku zna ajnost ($p < 0,01$) efekata genotipa, spoljašnje sredine i njihove interakcije (tabela 15). Kao i za masu 1000 zrna, kod grupe zrenja III, genotip je predstavljao najvažniji izvor varijacije, dok je efekat sredine bio manji, što se može tuma iti homogenim geneti kim sastavom grupe, i povoljnijim klimatskim uslovima u toku septembra, kada se kod genotipova veoma kasne vegetacije odvija naliavanje zrna i sinteza ulja. Za ostale grupe zrenja, uticaj sredine bio je dominantan u odnosu na uticaj genotipa i interakcije genotip \times spoljašnja sredina.

Tabela 15. Vrednosti *F*-testa iz analize varijanse mešovito g modela za sadržaj ulja genotipova soje pet grupa zrenja

Izvor varijacije	Grupa zrenja				
	00	0	I	II	III
Genotip (G)	289.8**	46.9**	218.2**	64.1**	601.2**
Sredina (E)	321.0**	116.9**	336.9**	196.5**	404.9**
G \times E	18.0**	6.6**	9.9**	8.5**	31.4**

** statisti ki visoko zna ajno na nivou ($p < 0,01$)

Sadržaj ulja u zrnu soje je kvantitativna osobina koja je ekspresija najvećim delom determinisana genetičkom osnovom, a u manjoj meri uslovima spoljašnje sredine i interakcijom genetičkih i faktora sredine (Burton, 1987; Pathan i sar., 2013; Kabelka i sar., 2004). Istraživanja Miladinovića i sar. (2006a) i Sudarića i sar. (2006a) potvrđuju prethodne navode o stabilnosti sadržaja ulja u različitim spoljašnjim sredinama, pokazujući da je efekat genotipa višestruko veći od efekta sredine, a najmanji deo varijacije pripisuje se interakciji genotip \times spoljašnja sredina.

Rezultati dobijeni u ovom radu su u saglasnosti sa navodima Vollmann i sar. (2000a) koji utvrđuju da su sinteze ulja u zrnu najviše uslovljene klimatskim faktorima u toku vegetacione sezone (godine), potom efektima genotipa a u najmanjoj meri interakcijom dva navedena faktora. Slično zaključuju i Popović i sar. (2013), utvrđivši visoko signifikantan uticaj godine i interakcije genotip \times godina na sadržaj ulja genotipova različitih grupa zrenja, dok efekti genotipa nisu bili značajni. Na varijaciju u sadržaju ulja, lokalitet gajenja ima veći uticaj od gajenog genotipa (Čukić i sar., 2009b).

5.2.1.2. Vrednosti genotipova i značajnosti razlika genotipova u grupama zrenja

Grupa zrenja 00

Prosečne vrednosti agronomskih osobina kod genotipova GZ 00, opšti prosek, standardna devijacija (SD) i koeficijent varijacije (CV) prikazani su u tabeli 16. Srednje vrednosti visine stabla su se kretale od 42,7 cm (Progres) do 74,0 cm (Ljuso). Najmanji broj nodusa (11,2) imala je sorta Progres a najveći sorta Korana (15,9). Najveći broj mahuna formirao je genotip Mini Soja (52,5) a najmanji sorta Kabott (29,4). Najveći broj zrna imala je sorta Mini Soja (107,7), a najmanji sorta Kabott (53,1). Masa 1000 zrna varirala je od 71,4 g (Mini Soja) do 204,4 g (Kabott). Najmanji prinos zrna po biljci ostvario je genotip Canatto (7,1 g) a najveći Krajina (13,6 g). Sadržaj proteina u zrnu bio je najveći kod genotipa Mini Soja (43,2%) a najmanji kod Gi 291/70-79 (37,3%). Najniži sadržaj ulja u zrnu sintetisao je genotip Mini Soja (15,6%) a najviši sorte Agassiz (21,4%).

Tabela 16. Srednje vrednosti i pokazatelji varijabilnosti agronomskih osobina kod genotipova GZ 00 i zna ajnost razlika srednjih vrednosti na osnovu *Tukey* testa

Genotip	Osobina							
	VS	BN	BM	BZ	MHZ	PZB	PROT	ULJE
Progres	42.7 ^h	11.2 ^f	29.9 ^g	64.1 ^g	143.4 ^g	9.3 ^g	42.8 ^a	17.4 ^f
Agassiz	62.1 ^{ef}	12.9 ^{de}	35.6 ^{bc}	70.9 ^{cdf}	149.3 ^{ef}	10.7 ^{ef}	38.8 ^{fg}	21.4 ^a
Evrika	63.3 ^e	13.6 ^c	34.3 ^{cde}	73.3 ^{bde}	143.3 ^g	10.5 ^{ef}	39.5 ^{de}	20.8 ^b
Gi 291/70-79	67.3 ^d	14.3 ^b	36.0 ^{bc}	76.1 ^{bc}	145.3 ^{fg}	11.1 ^{cde}	37.3 ⁱ	20.0 ^c
Kabott	58.9 ^g	12.4 ^e	29.4 ^g	53.1 ^h	204.4 ^a	10.9 ^{de}	41.6 ^b	18.7 ^e
Ljuso	74.0 ^a	14.3 ^b	35.4 ^{bd}	76.6 ^b	153.8 ^{de}	11.8 ^{bc}	39.2 ^{ef}	20.6 ^b
Maple Arrow	67.7 ^d	13.7 ^c	31.4 ^{fg}	66.1 ^{fg}	176.8 ^b	11.6 ^{bd}	39.7 ^{cd}	20.8 ^b
Maple Presto	69.2 ^{cd}	14.4 ^b	32.3 ^{ef}	65.8 ^{fg}	171.6 ^b	11.2 ^{cdf}	39.9 ^{cd}	20.8 ^b
Mini Soja	62.2 ^{ef}	13.7 ^c	52.5 ^a	107.7 ^a	71.4 ⁱ	7.8 ^h	43.2 ^a	15.6 ^g
Canatto	59.8 ^{fg}	13.0 ^d	36.5 ^{bc}	73.9 ^{bd}	96.0 ^h	7.1 ^h	42.6 ^a	17.3 ^f
PI 180 507	72.9 ^{ab}	14.7 ^b	31.2 ^{fg}	67.8 ^{efg}	162.6 ^c	11.2 ^{cde}	40.0 ^{cd}	20.7 ^b
Korana	70.9 ^{bc}	15.9 ^a	37.6 ^b	78.0 ^b	156.9 ^d	12.2 ^b	38.4 ^{gh}	20.1 ^c
Olima	68.9 ^{cd}	13.6 ^c	33.3 ^{df}	69.3 ^{dg}	148.5 ^{fg}	10.4 ^e	37.9 ^h	19.2 ^d
Krajina	72.3 ^{ab}	14.2 ^b	36.8 ^b	77.9 ^b	174.2 ^b	13.6 ^a	40.1 ^c	20.0 ^c
<i>Opšti pros.</i>	65.2	13.7	35.2	72.9	149.8	10.7	40.1	19.5
<i>St.dev.</i>	8.1	1.1	5.6	12.1	33.0	1.7	1.8	1.7
<i>CV (%)</i>	12.5	8.2	16.1	16.6	22.0	15.8	4.6	8.7

Vrednosti genotipova po osobinama ozna ene istim slovima nisu se razlikovale za prag zna ajnosti 0,05. VS-visina stabla (cm); BN-broj nodusa, BM-broj mahuna; BZ-broj zrna; MHZ-masa 1000 zrna (g); PZB-prinos zrna po biljci (g); PROT-sadržaj proteina (%); ULJE-sadržaj ulja (%)

Genotipovi Progres i Ljuso su se po visini stabla statisti ki zna ajno razlikovali od ostalih genotipova u grupi kao i me usobno. Broj nodusa bio je statisti ki zna ajno ve i kod genotipa Korana u odnosu na ostale genotipove, odnosno statisti ki zna ajno manji kod genotipa Progres u odnosu na ostale. Genotip Mini Soja imao je najve i broj mahuna i broj zna po biljci u odnosu na sve ostale genotipove iz grupe, dok su genotipovi Korana i Krajina formirali statisti ki zna ajno ve i broj mahuna i broj zrna po biljci u odnosu na preostale genotipove, ali ne i me usobno. Masa 1000 zrna kod genotipa Kabott bila je statisti ki zna ajno ve a u odnosu na sve ostale genotipove u grupi, dok su tri genotipa (Maple Arrow, Maple Presto i Krajina) imali statisti ki zna ajno ve u vrednost osobine u pore enju sa preostalim genotipovima, ali ne i me usobno. Statisti ki zna ajno ve i prinos zna po biljci ostvaren je kod genotipa Krajina u odnosu na sve ostale genotipove, dok je genotip Korana bio drugi po prinosu, razlikuju i se zna ajno od svih genotipova u grupi, osim od genotipova Kabott i Ljuso. Genotipovi Progres, Mini Soja i Canatto imali su zna ajno ve i sadržaj proteina u odnosu na ostale genotipove u grupi. Izdvojio se genotip Agassiz, sa najve im sadržajem ulja, statisti ki se zna ajno razlikuju i od ostalih genotipova u grupi.

Grupa zrenja 0

U tabeli 17. prikazane su prosečne vrednosti agronomskih osobina kod genotipova GZ 0, opšti prosek, standardna devijacija (SD) i koeficijent varijacije (CV).

Tabela 17. Srednje vrednosti i pokazatelji varijabilnosti agronomskih osobina kod genotipova GZ 0 i značajnost razlika srednjih vrednosti na osnovu Tukey testa

Genotip	Osobina							
	VS	BN	BM	BZ	MHZ	PZB	PROT	ULJE
FS 2 78	68.6 ^{nop}	14.7 ^{hj}	33.0 ^{klmn}	73.1 ^{ijlm}	187.1 ^{bc}	13.8 ^{efg}	39.9 ^c	20.8 ^{jk}
Afrodita	80.7 ^{cde}	15.2 ^{defg}	34.0 ^{ijklm}	79.6 ^{degh}	177.7 ^{efgh}	14.5 ^{cde}	37.8 ^{lm}	21.2 ^{dg}
Apache	60.2 ^t	13.0 ^o	32.5 ^{lo}	70.2 ^{klm}	172.8 ^{hi}	12.1 ^{klmo}	39.5 ^{df}	21.1 ^{efgh}
Atlas	70.4 ^{mo}	13.4 ^{mno}	33.9 ^{ijklm}	70.7 ^{jn}	157.2 ⁿ	11.3 ^{opq}	38.6 ^{ij}	21.6 ^{bc}
Aura	78.5 ^{efg}	15.3 ^{defg}	42.3 ^{bc}	76.6 ^{eghi}	165.2 ^{jl}	12.5 ^{ijklm}	40.6 ^b	19.1 ^o
BlackTokio	75.9 ^{ghi}	15.5 ^{be}	36.2 ^{fgh}	76.9 ^{eghi}	174.1 ^{gi}	13.5 ^{fhj}	37.3 ^{nop}	20.5 ^m
Chandor	77.1 ^{fh}	14.9 ^{ghi}	33.1 ^{klm}	76.8 ^{eghi}	187.7 ^b	14.4 ^{df}	38.8 ^{gi}	20.4 ^m
Dawson	72.4 ^{km}	14.5 ^{ij}	38.2 ^{def}	75.3 ^{gjl}	159.2 ^{mn}	12.5 ^{klm}	37.6 ^{mo}	21.1 ^{efg}
Lucija	79.4 ^{df}	15.1 ^{eh}	35.0 ^{hil}	81.1 ^{ceg}	175.3 ^{fi}	14.2 ^{df}	38.8 ^{gi}	20.8 ^{hjk}
F01-484	82.9 ^{bc}	15.5 ^{be}	39.5 ^{de}	81.3 ^{cef}	160.4 ^{ln}	13.0 ^{ghk}	37.3 ^{op}	21.9 ^a
Julijana	75.8 ^{hj}	15.8 ^{bc}	30.4 ^{op}	75.1 ^{hjl}	182.7 ^{bde}	13.7 ^{efh}	37.1 ^p	21.9 ^a
Ba ka	75.3 ^{hj}	13.3 ^{no}	35.0 ^{hil}	74.6 ^{hjl}	170.2 ^{ij}	12.7 ^{hkn}	37.9 ^{km}	21.3 ^{df}
Issik	69.0 ^{nop}	13.9 ^{kl}	37.6 ^{eg}	77.2 ^{eghi}	150.6 ^o	11.8 ^{mnp}	39.3 ^{df}	21.2 ^{dg}
K-1	82.5 ^c	17.0 ^a	26.6 ^q	57.2 ^o	206.1 ^a	11.7 ^{mnp}	41.3 ^a	19.8 ⁿ
K 2 2	67.8 ^{op}	15.3 ^{defg}	46.4 ^a	106.5 ^a	180.1 ^{df}	18.9 ^a	36.6 ^q	21.0 ^{fgij}
Kanadska 1	79.2 ^{df}	15.0 ^{fh}	38.0 ^{ef}	83.3 ^{cd}	125.6 ^p	10.6 ^{qr}	39.6 ^{cd}	20.6 ^{km}
L 1128	76.4 ^{ghi}	15.3 ^{defg}	32.5 ^{lo}	72.7 ^{ijn}	178.1 ^{efg}	12.9 ^{ghk}	38.1 ^{kl}	21.4 ^{cd}
KWS Ilona	73.8 ^{ijk}	15.1 ^{eh}	36.7 ^{fgh}	79.4 ^{degh}	158.8 ^{mn}	12.9 ^{ghk}	38.3 ^{jk}	21.8 ^{ab}
Vita	79.4 ^{df}	15.4 ^{cef}	34.4 ^{ilm}	75.8 ^{ejk}	163.5 ^{klm}	12.4 ^{klm}	37.9 ^{lm}	20.8 ^{jk}
Lambert	67.4 ^{pq}	13.8 ^{lm}	36.9 ^{fgh}	68.2 ^{mn}	160.5 ^{ln}	11.0 ^{pqr}	39.1 ^{fgh}	21.2 ^{dg}
Lanka	64.9 ^{qr}	13.7 ^{ln}	42.7 ^b	85.6 ^c	183.8 ^{bd}	15.7 ^b	39.2 ^{df}	20.5 ^{lm}
OACEclipse	74.3 ^{ijk}	14.7 ^{hj}	30.6 ^{nop}	69.6 ^{ln}	173.8 ^{gi}	12.0 ^{kmp}	38.8 ^{gi}	21.4 ^{cd}
L 7/88	70.7 ^{lmn}	15.4 ^{cef}	40.8 ^{bd}	94.1 ^b	163.8 ^{klm}	15.5 ^{bc}	39.3 ^{df}	21.0 ^{gij}
PI 301	81.3 ^{cd}	15.6 ^{bcd}	37.4 ^{egh}	81.6 ^{ce}	187.2 ^{bc}	15.0 ^{bd}	37.7 ^{lmn}	20.5 ^{lm}
PRW 80	85.3 ^{ab}	16.5 ^a	32.1 ^{mop}	74.3 ^{hjl}	182.0 ^{cde}	13.5 ^{fhi}	39.5 ^{cde}	21.2 ^{dg}
VNIMK3895	61.7 st	13.6 ^{ln}	38.0 ^{ef}	73.4 ^{ijlm}	176.7 ^{fgh}	13.1 ^{ghi}	39.6 ^{cd}	19.7 ⁿ
Turska 1	68.9 ^{nop}	15.9 ^b	39.9 ^{cde}	84.5 ^{cd}	150.8 ^o	12.9 ^{ghk}	38.8 ^{gi}	21.3 ^{de}
Turska 2	64.3 ^{rs}	14.3 ^{jk}	32.8 ^{klo}	67.1 ⁿ	149.0 ^o	10.2 ^r	38.7 ^{hi}	21.3 ^{df}
Am 3	75.0 ^{hk}	15.9 ^{bc}	35.3 ^{gik}	75.5 ^{fgh}	167.2 ^{jk}	12.5 ^{ijklm}	38.6 ^{ij}	21.1 ^{efgh}
ZPS 015	86.2 ^a	16.8 ^a	36.3 ^{fgh}	76.4 ^{ej}	178.8 ^{dfg}	13.8 ^{efg}	39.2 ^{efg}	20.8 ^{ikl}
Kolubara	73.2 ^{jkl}	13.6 ^{ln}	29.8 ^p	67.7 ^{mn}	170.3 ^{ij}	11.6 ^{mq}	38.7 ^{hi}	21.1 ^{dg}
Opšti pros.	74.1	14.9	35.7	76.8	170.2	13.1	38.7	20.9
St.dev.	6.7	1.0	4.2	8.7	15.2	1.7	1.0	0.6
CV (%)	9.1	6.9	11.8	11.3	9.0	13.1	2.7	2.9

Vrednosti genotipova po osobinama označene istim slovima nisu se razlikovale za prag značajnosti 0,05. VS-visina stabla (cm); BN-broj nodusa, BM-broj mahuna; BZ-broj zrna; MHZ-masa 1000 zrna (g); PZB-prinos zrna po biljci (g); PROT-sadržaj proteina (%); ULJE-sadržaj ulja (%)

Najmanja vrednost visine stabla izmerena je kod sorte Apache (60,2 cm) dok je sorta ZPS 015 imala najve u vrednost ove osobine (86,2 cm). Broj nodusa varirao je od 13,0 (Apache) do 17,0 (K-1). Genotip K-1 formirao je najve i (26,6), a genotip K 2 2 najmanji broj mahuna po biljci (46,4). Broj zrna po biljci kretao se u rasponu od 57,2 (K-1), do 106,5 (K 2 2). Masa hiljadu zrna imala je najnižu vrednost kod genotipa Kanadska 1 (125,6 g), a najvišu kod genotipa K-1 (206,1 g). Genotip Turska 2 ostvario je najmanji prinos zrna po biljci (10,2 g), a genotip K 2 2 najve u vrednost osobine (18,9 g). Sadržaj proteina kretao se od 36,6% kod genotipa K 2 2, do 41,3% kod genotipa K-1. Najmanji sadržaj ulja u zrnu izmeren je kod genotipa Aura (19,1%), dok je najve i sadržaj ulja imao genotip Julijana (21,9%).

Statisti ki zna ajno niže stablo u odnosu na ostale genotipove u grupi registrovano je kod genotipa Apache, dok je genotip ZPS 015 bio signifikantno viši u odnosu na ostale genotipove iz grupe. U skladu sa tim, i broj nodusa kod ZPS 015 bio je statisti ki zna ajno ve i u odnosu na ostale, osim u odnosu na genotipove K-1 i PRW 80. Genotip K 2 2 imao je statisti ki zna ajno ve i broj mahuna u pore enju sa svim genotipovima iz grupe, dok je drugi po redu bio genotip Lanka razlikuju i se zna ajno od preostalih, osim od genotipova Aura i L 7/88. Statisti ki zna ajno ve i broj zrna po biljci u odnosu na ostale genotipove formirao je genotip K 2 2, dok je genotip L 7/88 bio na drugom mestu po broju zrna, razlikuju i se zna ajno od preostalih. Statisti ki zna ajno manja masa 1000 zrna ostvarena je kod genotipa Kanadska 1 u odnosu na sve ostale, dok je Genotip K-1 imao je statisti ki zna ajno ve u masu 1000 zrna u odnosu na ostale genotipove. Genotip K 2 2 ostvario je statisti ki zna ajno ve i prinos zrna u odnosu na sve ostale genotipove, dok je genotip Lanka bio na drugom mestu po visini prinosa, razlikuju i se od preostalih u grupi, osim od L 7/88 i PI 301. Genotip K-1 imao je najve i sadržaj proteina u zrnu, razlikuju i se statisti ki zna ajno od ostalih, dok je genotip Aura bio na drugom mestu, statisti ki zna ajno se razlikuju i od preostalih u grupi. Genotipovi F01-484 i Julijana su imali isti sadržaj ulja, statisti ki se zna ajno razlikuju i od ostalih, izuzev od KWS Ilone.

Grupa zrenja I

Prose ne vrednosti agronomskih osobina kod genotipova GZ I, opšti prosek, standardna devijacija (SD) i koeficijent varijacije (CV) prikazani su u tabeli 18. Najve a

vrednost visine stabla izmerena je za genotip A 1937 (95,6 cm) dok je genotip Danijela imao najmanju vrednost osobine (68,8 cm). Broj nodusa kretao se od 14,1 kod genotipa Danijela do 18,8 kod genotipa A 1937. Najmanji broj mahuna formirao je genotip Chornaja (32,8), a najveći genotip NK 15 50 (41,8). Broj formiranih zrna po biljci kretao se od 67,5 kod genotipa Chornaja, do 93,0 kod genotipa Ravnica. Najmanju masu 1000 zrna ostvario je genotip Chornaja (137,9 g), a najveći u genotip Balkan (201,8 g). Najmanji prinos zrna po biljci zabeležen je kod genotipa Chornaja (9,4 g), dok je genotip Balkan ostvario najveći u vrednost navedene osobine (15,9 g). Najmanji sadržaj proteina u zrnu izmeren je kod genotipa Ardin (36,4%), a najveći i kod genotipa Danijela (42,4%). Sadržaj ulja varirao je od 17,5% (Danijela) do 21,9% (Shine).

Tabela 18. Srednje vrednosti i pokazatelji varijabilnosti agronomskih osobina kod genotipova GZ I i značajnost razlika srednjih vrednosti na osnovu *Tukey* testa

Genotip	Osobina							
	VS	BN	BM	BZ	MHZ	PZB	PROT	ULJE
Balkan	82.0 ^{ef}	15.9 ^{fg}	35.9 ^{ce}	78.8 ^{cd}	201.8 ^a	15.9 ^a	37.7 ^h	21.2 ^{cd}
Chornaja	79.1 ^{fg}	14.7 ^h	32.8 ^f	67.5 ^g	137.9 ^h	9.4 ^h	41.0 ^b	18.3 ^j
Danijela	68.8 ^h	14.1 ^h	34.4 ^{def}	69.8 ^{fg}	172.9 ^d	12.0 ^g	42.4 ^a	17.5 ^k
Danubian	89.5 ^{bc}	17.1 ^{cd}	34.6 ^{def}	80.6 ^c	173.6 ^d	14.0 ^{cde}	39.7 ^d	20.8 ^f
Hodgson78	87.2 ^{cd}	15.4 ^g	36.1 ^{ce}	75.2 ^{de}	175.6 ^d	13.3 ^{ef}	38.1 ^{gh}	21.3 ^{bd}
Ardin	77.1 ^g	18.1 ^b	34.0 ^{ef}	72.4 ^{eg}	201.6 ^a	14.5 ^{bd}	36.4 ^j	21.3 ^{bd}
Krizia	78.9 ^{fg}	16.7 ^{de}	34.6 ^{def}	77.6 ^{ce}	161.6 ^{ef}	12.5 ^{fg}	40.4 ^c	19.3 ⁱ
OS 101	91.7 ^{ab}	16.7 ^{de}	34.3 ^{def}	75.0 ^{def}	186.9 ^c	14.0 ^{cde}	39.0 ^e	20.5 ^g
Ravnica	84.5 ^{de}	16.1 ^f	38.2 ^{bc}	93.0 ^a	155.4 ^g	14.5 ^{bd}	37.3 ⁱ	20.9 ^{ef}
Ika	85.2 ^{de}	16.3 ^{ef}	38.5 ^b	92.4 ^{ab}	165.4 ^e	15.2 ^{ab}	36.6 ^j	21.3 ^{bd}
Shine	83.7 ^{de}	17.0 ^d	34.6 ^{def}	90.2 ^{ab}	153.8 ^g	13.8 ^{de}	36.8 ^j	21.9 ^a
A 1937	95.6 ^a	18.8 ^a	37.9 ^{bc}	89.9 ^{ab}	164.6 ^e	14.8 ^{bc}	38.2 ^{fg}	21.1 ^{de}
Laura	81.2 ^{ef}	17.0 ^d	36.4 ^{bcd}	79.3 ^{cd}	194.5 ^b	15.3 ^{ab}	39.5 ^d	20.1 ^h
NK 15 50	93.5 ^{ab}	17.8 ^b	41.8 ^a	89.2 ^{ab}	156.9 ^{fg}	14.0 ^{cde}	38.5 ^f	21.3 ^{bc}
Parker	89.6 ^{bc}	17.7 ^{bc}	38.7 ^b	78.2 ^{cd}	194.3 ^b	15.3 ^{ab}	38.0 ^{gh}	21.5 ^b
Brock	84.8 ^{de}	16.8 ^{de}	38.1 ^{bc}	87.2 ^b	177.3 ^d	15.5 ^{ab}	37.2 ⁱ	21.3 ^{bc}
<i>Opšti pros.</i>	84.5	16.6	36.3	81.0	173.4	14.0	38.6	20.6
<i>St.dev.</i>	6.8	1.2	2.4	8.3	18.7	1.6	1.7	1.2
<i>CV (%)</i>	8.0	7.4	6.5	10.2	10.8	11.7	4.4	5.9

Vrednosti genotipova po osobinama označene istim slovima nisu se razlikovale za prag značajnosti 0,05. VS-visina stabla (cm); BN-broj nodusa, BM-broj mahuna; BZ-broj zrna; MHZ-masa 1000 zrna (g); PZB-prinos zrna po biljci (g); PROT-sadržaj proteina (%); ULJE-sadržaj ulja (%)

Genotip A 1937 imao je statistički značajno veći u visini stabla u odnosu na ostale, osim na genotipove OS 101 i NK 15 50, i statistički značajno veći i broj nodusa u

pore enju sa ostalim. Genotip NK 15 50 formirao je statisti ki zna ajno ve i broj mahuna u odnosu na ostale genotipove. Po broju zrna na biljci, sorta Ravnica se statisti ki zna ajno razlikovala od svih, osim genotipova Ika, Shine, A 1937 i NK 15 50, dok su se ova tri genotipa zna ajno razlikovala od preostalih u grupi, izuzev od genotipa Brock. Dva genotipa – Balkan i Ardin statisti ki zna ajno su se razlikovala od ostalih po masi 1000 zrna, dok su se Laura i Parker, zauzimaju i drugo mesto po vrednosti ove osobine, zna ajno razlikovali od preostalih genotipova iz grupe. Genotip Balkan ostvario je statisti ki zna ajno viši prinos u odnosu na sve, osim na genotipove Brock, Laura, Parker i Ika. Sadržaj proteina kod genotipa Danijela bio je statisti ki zna ajno ve i u pore enju sa svim ostalim genotipovima, dok je na drugom mestu bio genotip Chornaja, razlikuju i se zna ajno od preostalih genotipova. Genotip Shine statisti ki zna ajno se razlikovao po sadržaju ulja od ostalih genotipova.

Grupa zrenja II

U tabeli 19. predstavljene su prose ne vrednosti agronomskih osobina kod genotipova GZ II, opšti prosek, standardna devijacija (SD) i koeficijent varijacije (CV). Visina stabla varirala je od 49,3 cm kod genotipa Gnome, do 100,5 cm kod genotipa Dekabig. Najmanji broj nodusa zabeležen je kod genotipa Gnome (11,0) a najve i kod genotipa J 4 (20,2). Genotip Harosoy formirao je najmanji (33,6), a genotip J 4 najve i broj mahuna po biljci (49,7). Broj zrna po biljci kretao se od 72,3 (Harosoy) do 111,1 (Vojvo anka). Masa 1000 zrna imala je vrednosti od 145,0 g (Vojvo anka) do 188,8 g (Kineska). Najve i prinos zrna po biljci ostvario je genotip Vetex (17,4 g) a najmanji Corsoy (12,3 g). Sadržaj proteina kretao se od 36,3% kod genotipa Beauty, do 39,9% kod genotipa Harosoy. Najmanji sadržaj ulja izmeren je kod genotipa Corsoy (19,4%) a najve i kod genotipa Lana (22,0%).

Genotip Dekabig imao je statisti ki zna ajno ve u visinu stabla u odnosu na sve genotipove iz grupe, osim genotipova Corsoy, Lana i Lidija, od kojih se nije razlikovao. Broj nodusa i broj mahuna kod genotipa J 4 bili su statisti ki zna ajno ve i u odnosu na sve ostale genotipove u grupi. Genotip Vojvo anka imao je statisti ki zna ajno ve i broj zrna po biljci od ostalih genotipova u grupi, osim od genotipa Nena, od kojeg se nije razlikovao, i statisti ki zna ajno manju masu 1000 zrna od svih ostalih genotipova. Genotipovi Harosoy i Kineska imali su statisti ki zna ajno ve u masu 1000 zrna u

pore enju sa ostalim genotipovima. Statisti ki zna ajno ve i prinos zrna po biljci ostvario je genotip Vertex, u odnosu na sve genotipove iz grupe osim na genotipove Nena i Lidija, od kojih se nije razlikovao. Genotip sa najve im sadržajem proteina (Harosoy) statisti ki se zna ajno razlikovao od svih, osim od genotipa Century. Genotip Lana imao je statisti ki zna ajno ve i sadržaj ulja u zrnu u odnosu na sve ostale genotipove, dok je genotip Corsoy imo statisti ki zna ajno manji sadržaj ulja u odnosu na sve genotipove u grupi.

Tabela 19. Srednje vrednosti i pokazatelji varijabilnosti agronomskih osobina kod genotipova GZ II i zna ajnost razlika srednjih vrednosti na osnovu *Tukey* testa

Genotip	Osobina							
	VS	BN	BM	BZ	MHZ	PZB	PROT	ULJE
A 3963	81.5 ^{ik}	17.0 ^{ij}	42.4 ^{efg}	86.8 ^{ghi}	168.3 ^{ef}	14.6 ^{efg}	38.3 ^{hi}	21.2 ^{fgh}
Dekabig	100.5 ^a	17.6 ^{gh}	40.2 ^{ghi}	87.8 ^{fi}	155.1 ⁱ	13.7 ^g	39.1 ^{de}	20.4 ^k
FS BB	85.4 ^{gh}	19.5 ^b	42.1 ^{efg}	91.7 ^{dfg}	147.9 ^j	13.7 ^{gh}	39.2 ^{ce}	21.5 ^{cd}
Gnome	49.3 ^m	11.0 ^m	35.6 ^{lm}	82.5 ^{ij}	172.1 ^{cde}	14.2 ^{efg}	39.4 ^{bcd}	20.9 ^{ij}
Harosoy	83.2 ^{hi}	16.4 ^{jk}	33.6 ^m	72.3 ^k	188.2 ^a	13.7 ^{gh}	39.9 ^a	20.2 ^l
HS 302	87.1 ^{fg}	19.3 ^{bd}	42.3 ^{efg}	90.2 ^{efh}	160.3 ^{gh}	14.5 ^{efg}	39.4 ^{bc}	20.9 ^{ij}
Kineska	59.8 ^l	13.0 ^l	36.1 ^{km}	76.3 ^{jk}	188.8 ^a	14.7 ^{efg}	39.5 ^{bc}	19.8 ^m
Nikko	80.0 ^{jk}	17.5 ^{hi}	38.8 ^{hj}	84.3 ^{hi}	174.4 ^{bd}	14.6 ^{efg}	38.6 ^g	21.3 ^{def}
Action	80.3 ^{ik}	16.9 ^{ij}	37.1 ^{ikl}	84.3 ^{hi}	168.1 ^{ef}	14.0 ^{fg}	37.5 ^l	21.4 ^{de}
Beauty	79.2 ^k	16.6 ^{jk}	42.3 ^{efg}	92.9 ^{dfg}	161.8 ^g	14.7 ^{efg}	36.3 ⁿ	21.6 ^{bc}
J 4	95.7 ^{bcd}	20.2 ^a	49.7 ^a	104.6 ^b	146.3 ^j	15.2 ^{cde}	39.0 ^{ef}	20.8 ^j
Vertex	89.6 ^f	16.2 ^k	46.0 ^{bc}	97.9 ^{cd}	178.7 ^b	17.4 ^a	36.4 ⁿ	21.2 ^{dg}
Volo a	92.7 ^e	18.8 ^{de}	43.3 ^{def}	94.1 ^{df}	156.6 ^{hi}	14.8 ^{efh}	37.8 ^{kl}	21.3 ^{def}
Vojvo anka	93.3 ^{de}	18.3 ^{ef}	45.6 ^{bcd}	111.1 ^a	145.0 ^j	16.0 ^{bc}	36.8 ^m	20.9 ^{ij}
Lana	97.8 ^{ab}	18.1 ^{fg}	44.4 ^{be}	102.2 ^{bc}	163.7 ^{fg}	16.3 ^b	37.6 ^l	22.0 ^a
Olga	88.6 ^f	18.0 ^{fh}	44.2 ^{ce}	94.6 ^{de}	169.8 ^{fe}	15.9 ^{bd}	38.7 ^{fg}	21.0 ^{hij}
Lidija	98.4 ^{ab}	17.8 ^{fh}	41.4 ^{fh}	94.3 ^{de}	175.7 ^{bc}	16.4 ^{ab}	37.9 ^{jk}	21.7 ^{bc}
Nena	94.6 ^{ce}	18.9 ^{cd}	47.0 ^b	106.0 ^{ab}	155.4 ⁱ	16.5 ^{ab}	39.2 ^{ce}	21.0 ^{gi}
Zen	88.6 ^f	18.3 ^{ef}	38.7 ^{hk}	91.9 ^{dfg}	159.6 ^{gi}	14.6 ^{efg}	38.6 ^{gh}	21.7 ^b
Century	96.7 ^{bc}	19.1 ^{bd}	38.1 ^{ijkl}	86.7 ^{ghi}	174.6 ^{bc}	15.1 ^{cde}	39.6 ^{ab}	20.4 ^k
Corsoy	98.5 ^{ab}	19.4 ^{bc}	36.7 ^{ikl}	76.3 ^{jk}	163.2 ^g	12.3 ⁱ	38.2 ^{ij}	19.4 ⁿ
KB 231	82.3 ^{ij}	17.6 ^{gh}	39.8 ^{ghi}	90.8 ^{efg}	163.3 ^g	14.9 ^{df}	38.2 ^{hj}	21.2 ^{egh}
<i>Opšti pros.</i>	86.5	17.5	41.2	90.9	165.3	14.9	38.4	21.0
<i>St.dev.</i>	12.4	2.1	4.1	9.8	12.0	1.2	1.0	0.6
<i>CV (%)</i>	14.4	12.0	10.0	10.8	7.3	7.8	2.7	3.0

Vrednosti genotipova po osobinama ozna ene istim slovima nisu se razlikovale za prag zna ajnosti 0,05. VS-visina stabla (cm); BN-broj nodusa, BM-broj mahuna; BZ-broj zrna; MHZ-masa 1000 zrna (g); PZB-prinos zrna po biljci (g); PROT-sadržaj proteina (%); ULJE-sadržaj ulja (%)

Grupa zrenja III

Prose ne vrednosti agronomskih osobina kod genotipova GZ III, kao i opšti prosek, standardna devijacija (SD) i koeficijent varijacije (CV) prikazani su u tabeli 20. Visina stabla imala je vrednosti od 49,9 cm (PI 416 892) do 109,7 cm (Kunitz). Najmanji broj nodusa imao je genotip Pixie (11,6) a najveći genotip Kunitz (20,1). Broj mahuna varirao je od 25,2 (PI 416 892) do 53,4 (Barc 11-X). Najmanji broj zrna po biljci formiran je kod genotipa PI 416 892, a najveći kod genotipa Barc 11-X (138,8). Masa 1000 zrna varirala je od 123,6 g (Barc 11-X) do 370,7 g (PI 416 892). Najmanji prinos zrna po biljci ostvario je genotip Elf (13,2 g) a najveći genotip PI 416 892 (18,7 g). Najmanji sadržaj proteina imao je genotip Hobbit (36,3%), a najveći genotip PI 416 892 (40,0%). Sadržaj ulja varirao je od 16,4% (PI 416 892) do 22,0% (Hobbit).

Tabela 20. Srednje vrednosti i pokazatelji varijabilnosti agronomskih osobina kod genotipova GZ III i značajnost razlika srednjih vrednosti na osnovu *Tukey* testa

Genotip	Osobina							
	VS	BN	BM	BZ	MHZ	PZB	PROT	ULJE
Elf	54.3 ^c	12.1 ^d	35.5 ^c	77.7 ^c	168.8 ^c	13.2 ^c	38.6 ^c	20.8 ^c
Hobbit	51.0 ^{de}	11.8 ^{de}	37.5 ^c	83.6 ^c	170.7 ^c	14.3 ^c	36.3 ^f	22.0 ^a
Kunitz	109.7 ^a	20.1 ^a	47.3 ^b	99.4 ^b	167.7 ^c	17.0 ^b	38.9 ^c	20.3 ^d
Sprite	53.2 ^{cd}	12.1 ^d	36.2 ^c	80.7 ^c	180.9 ^b	14.6 ^c	37.9 ^d	21.9 ^a
PI416892	49.7 ^e	13.3 ^c	25.2 ^d	50.4 ^d	370.7 ^a	18.7 ^a	40.0 ^a	16.4 ^e
Barc11-X	63.5 ^b	15.8 ^b	53.4 ^a	138.8 ^a	123.6 ^d	16.9 ^b	36.8 ^e	21.2 ^b
Pixie	54.8 ^c	11.6 ^e	36.7 ^c	82.6 ^c	173.6 ^{bc}	14.5 ^c	39.6 ^b	20.5 ^d
Opšti pros.	62.3	13.8	38.8	87.6	193.7	15.6	38.3	20.5
St.dev.	21.4	3.1	9.1	26.9	80.3	2.0	1.4	1.9
CV (%)	34.3	22.5	23.3	30.7	41.4	12.5	3.7	9.3

Vrednosti genotipova po osobinama označene istim slovima nisu se razlikovale za prag značajnosti 0,05. VS-visina stabla (cm); BN-broj nodusa, BM-broj mahuna; BZ-broj zrna; MHZ-masa 1000 zrna (g); PZB-prinos zrna po biljci (g); PROT-sadržaj proteina (%); ULJE-sadržaj ulja (%)

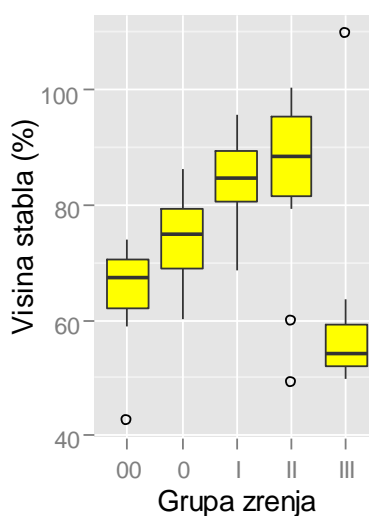
Statistički značajno veći u visinu stabla kao i značajno veći broj nodusa od svih ostalih genotipova imao je genotip Kunitz, dok su se polupatuljasti genotipovi međusobno manje razlikovali u pogledu dve navedene osobine. Statistički značajno veći broj mahuna i broj zrna u odnosu na ostale genotipove iz grupe formirao je genotip Barc 11-X, ostvarivši ujedno i statistički značajno manju masu 1000 zrna od svih genotipova u grupi. Statistički značajno veći u masu 1000 zrna, prinos zrna po biljci i sadržaj proteina u odnosu na sve genotipove u grupi imao je krupnosemeni genotip PI 416 892,

ostvarivši dvostruko ve u vrednost mase 1000 zrna od drugog po rangi genotipa Sprite. Genotipovi Sprite i Hobbit imali su statisti ki zna ajno ve i sadržaj ulja u zrnu u odnosu na sve ostale genotipove, me usobno se ne razlikuju i, dok je genotip PI 416 892 imao statisti ki zna ajno manji sadržaj ulja u odnosu na sve genotipove iz grupe.

5.2.1.3. Razlike grupa zrenja za agronomske osobine

Visina stabla

Boks-plot dijagramom predstavljeni su intervali variranja, interkvartilne razlike, medijane i ekstremne vrednosti visine stabla kod genotipova po grupama zrenja (grafikon 3). Najširi interval variranja visine stabla uo en je kod GZ 0 i GZ I a najve a interkvartilna razlika u okviru GZ II. Razlike izme u grupa zrenja za visinu stabla prisutne su kod GZ III u odnosu na preostale grupe, kao i izme u GZ 0 na jednoj i GZ I i GZ II na drugoj strani, i izme u, s jedne strane GZ 00 i sa druge strane GZ I i GZ II. Uo ava se uglavnom linearno pove anje medijana za visinu stabla sa porastom dužine vegetacije od GZ 00 do GZ II, što je o ekivano. Sa dužinom vegetacije produžava se i vegetativna faza razvoja u kojoj se formira visina biljke (Rao i sar., 2002), pa su visina biljke i dužina vegetacije naj eš e u pozitivnoj korelaciji (Kumar i sar., 2015; Reinprecht i sar., 2006). Osim toga, utvr eno je i preklapanje lokusa za visinu stabla sa lokusima za dužinu vegetacije ukazuju i da vreme cvetanja uti e na visinu biljke (Zhang i sar., 2004; Lee i sar., 1996; Liu i sar., 2013).

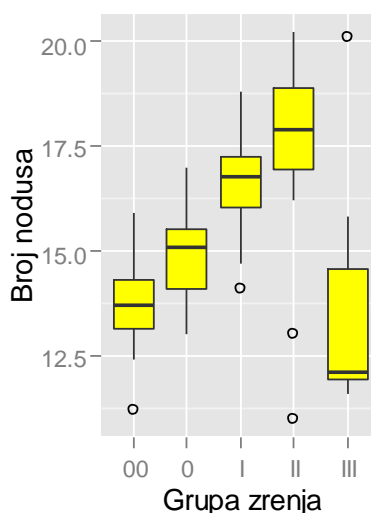


Grafikon 3: Boks-plot dijagram za visinu stabla kod genotipova soje GZ 00-III

GZ III, koja se karakteriše najmanjom vrednošću u medijane za visinu i najdužom vegetacijom, sačinjena je uglavnom od genotipova determinantnog porasta, stabla visokog do 65 cm, osim sorte Kunitz, koja ima indeterminantno stablo i na dijagramu figuriše kao ekstrem. Ispodprose ni ekstremi za visinu stabla zapaženi su i u okviru GZ 0 (Apache) i GZ II (polupatuljasta sorta Gnome i introdukovana egzoti na linija Kineska).

Broj nodusa

Intervali variranja, interkvartilne razlike, medijane i ekstremne vrednosti broja nodusa kod genotipova po grupama zrenja prikazani su boks-plot dijagramom (grafikon 4).



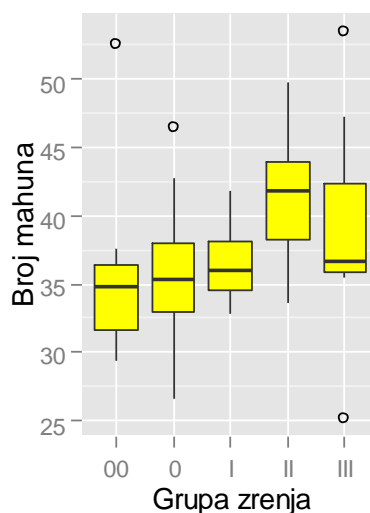
Grafikon 4: Boks-plot dijagram za broj nodusa kod genotipova soje GZ 00-III

Najširi interval variranja broja nodusa utvrđen je u okviru GZ I a najveća interkvartilna razlika kod genotipova GZ III, gde je medijana bila blizu vrednosti prvog kvartila. Po broju nodusa, utvrđene su razlike između sledećih parova grupa: GZ 00 sa jedne strane, i GZ I GZ II sa druge strane, zatim GZ 0 sa jedne strane, i GZ I i GZ II sa druge strane, te GZ III sa jedne strane, i GZ I i GZ II sa druge. Uvidom u boks-plot dijagram zaključuje se da broj nodusa raste sa porastom dužine vegetacije od GZ 00 do GZ II, koje su sačinjene najvećim delom od indeterminantnih genotipova. Najkasnija grupa zrenja ima najmanju vrednost medijane za broj nodusa, jer je, sa izuzetkom

genotipa Kunitz, sa injena od determinantnih genotipova. Geneti ka kontrola broja nodusa odre ena je, na prvom mestu, alelnom konstitucijom u *Dt* lokusu, pa determinantne sorte imaju manji broj nodusa od indeterminantnih (Curtis i sar., 2000). Osim pomenutog lokusa, broj nodusa odre uje i alelna konstitucija u *E* lokusu koji kontroliše vreme cvetanja i sazrevanja (Kumudini i sar., 2010), pa prisustvo dominantnog *E* gena odlaže cvetanje i pove aava broj nodusa kod sva tri tipa terminacije stabla, ime se objašnjava pozitivna asocijacija broja nodusa i dužine vegetacije idu i od GZ 00 ka GZ II. Generalno, kasnije sorte imaju ve i broj nodusa, kao rezultat dužeg perioda vegetativnog razvoja (Egli, 2010). Ekstremne ispodprose ne vrednosti broja nodusa registrovane su u GZ 00, GZ I i GZ II. Iznadprose an ekstrem za broj nodusa u okviru GZ III bio genotip najve e visine stabla - Kunitz.

Broj mahuna

Boks-plot grafikon prikazuje intervale variranja, interkvartilne razlike, medijane i ekstremne vrednosti broja mahuna kod genotipova GZ 00-III (grafikon 5).



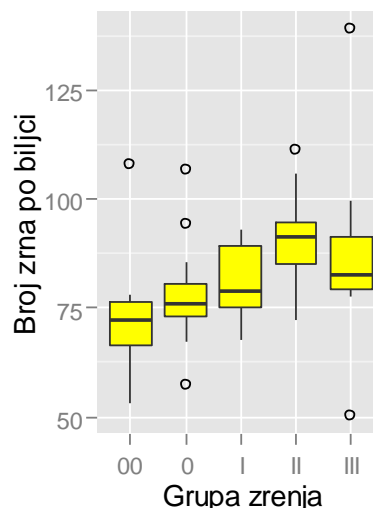
Grafikon 5: Boks-plot dijamogram za broj mahuna kod genotipova soje GZ 00-III

Interval variranja za broj mahuna po biljci bio je najširi kod genotipova dve najbrojnije grupe (GZ 0 i GZ II). Najmanja medijana i najmanje variranje broja mahuna utvr eno je kod GZ 00. Najve a interkvartilna razlika zabeležena je kod GZ III u kojoj se zapažaju dva ekstrema: genotip sa najve im brojem mahuna (genotip fascijatnog tipa

stabla Barc 11-X) i genotip sa najmanjim brojem mahuna (krupnosemeni genotip egzotnog porekla PI 416 892). Ekstremi visokog broja mahuna su registrovani i u GZ 00 (Mini Soja) i GZ 0 (K 2 2). Iako bi se o ekivalo da broj mahuna raste sa dužinom vegetacije (Kumar i sar., 2015; Machikowa i Laosuwan, 2011), takav trend se ne zapaža jasno u našem istraživanju. Razlike u broju mahuna utvrđene su samo između, na jednoj strani GZ II, i na drugoj strani GZ 00, GZ 0 i GZ I. Približne vrednosti medijana i odsustvo razlika u broju mahuna između GZ 00, GZ 0 i GZ I mogu se objasniti činjenicom da je broj mahuna veoma varijabilno svojstvo i pod jakim dejstvom faktora spoljašnje sredine, a u poređenju sa ostalim predstavlja najvarijabilniju komponentu prinosa (Perić, 2009; Jovanović, 1994). Niske vrednosti heritabilnosti (Karasu, 2009) i visoka interakcija genotip x sredina (Perić, 2009) govore da u ekspresiji ovog svojstva veći udeo ima ekološka u odnosu na genetičku varijansu. Stoga je i logično da su nepovoljni klimatski uslovi u toku obe godine ispitivanja uticali na neutralisanje razlika u broju mahuna između grupa zrenja. Najveća medijana za broj mahuna utvrđena je kod genotipova GZ II. Medijana GZ III pokazuje da je u proseku ova grupa imala sličan broj mahuna kao i grupe kraće vegetacije, mada se uočavaju i broj genotipova iznad prosečne vrednosti, sugerirajući da i polupatuljasti genotipovi manjeg broja nodusa mogu formirati veći broj mahuna, zahvaljujući većem broju mahuna po nodusu.

Broj zrna

Intervali variranja, interkvartilne razlike, medijane i ekstremne vrednosti broja zrna po biljci kod genotipova GZ 00-III predstavljeni su boks-plot dijagramom (grafikon 6). Boks-plot dijagram pokazuje da su razlike u broju zrna između grupa zrenja bile prisutne u slučaju sledećih parova grupa: na jednoj strani GZ 00 i na drugoj strani GZ I i GZ II, te GZ 0 na jednoj strani i GZ I i GZ II na drugoj. Najširi interval variranja broja zrna utvrđen je kod GZ II a najveća interkvartilna razlika kod GZ I, dok je najmanju varijabilnost osobine prema oba parametra pokazala GZ 0, istovremeno posedujući i najveći broj ekstremnih, ispod prosečnih (K-1) i iznad prosečnih genotipova (L 7/88 i K 2 2). Iznad prosečnih ekstremi za broj zrna su identifikovani i u GZ 00 (Mini Soja), GZ II (Vojvoćanka) i GZ III (Barc 11-X) dok su sve vrednosti ove osobine kod genotipova GZ I bile u okviru intervala variranja.



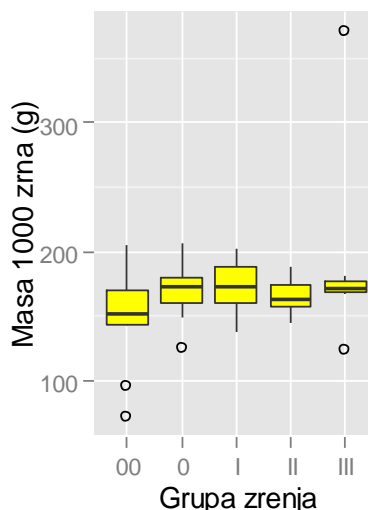
Grafikon 6: Boks-plot dijagram za broj zrna po biljci kod genotipova soje GZ 00-III

Medijane broja zrna su se blago povećavale i od GZ 00 do GZ I. Za GZ II primećuje se znatno veća medijana u odnosu na prethodne grupe, uz već i broj genotipova sa brojem zrna ispod proseka. Machikowa i Laosuwan (2011) su utvrdili značajnu visoku pozitivnu korelaciju između dužine vegetacije i broja zrna po biljci, dok Mahbub i sar. (2015) zaključuju da su dužina vegetacije i broj zrna po biljci pozitivno ali slabo i nesignifikantno povezani. Broj zrna je veoma varijabilno svojstvo, ija je ekspresija u velikoj meri zavisna od faktora sredine, pa heritabilnost broja zrna najviše ne prelazi 50% (Žilić, 1996; Srebrić, 2013). Egli (2010) navodi da je najveći deo varijacije prinosa zrna uzrokovan varijabilnošću u broju zrna. Odsustvo razlika među medijanama broja zrna ranijih grupa zrenja može se tumačiti različitim korelativnim odnosima između tri najvažnije komponente prinosa (broj mahuna, broj zrna i masa 1000 zrna) u okviru svake grupe, koji će detaljnije biti razmotreni u narednom poglavlju.

Masa 1000 zrna

Boks-plot dijagram (grafikon 7) pruža uvid u intervale variranja, interkvartilne razlike, medijane i ekstremne vrednosti mase 1000 zrna kod genotipova GZ 00-III. Poklapanje boksova na dijagramu moglo bi navesti na zaključak da među grupama zrenja nije bilo razlika u masi 1000 zrna. Prisustvo ekstremnih opservacija u svakoj grupi zrenja, a posebno izrazitog ekstrema u GZ III, maskira razlike između grupa, koje

bi došle do izražaja ukoliko bi se ovakvi genotipovi izuzeli iz obra una. Najširi interval variranja uo en je za GZ 00, GZ 0 i GZ I. U najranijoj grupi uo avaju se dva ispodprose na ekstrema za masu 1000 zrna (sitno-semeni genotipovi Canatto i Mini Soja). Najkasnija grupa zrenja pokazuje najmanji interval variranja i najmanju interkvartilnu razliku, uz izdvajanje ekstrema (Barc 11-X, genotip sa najve im brojem zrna i PI 416 892, genotip sa najmanjim brojem zrna).



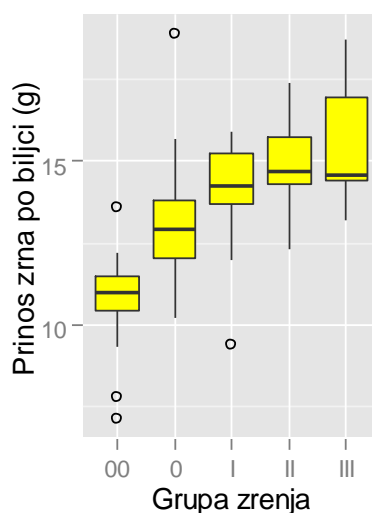
Grafikon 7: Boks-plot dijagram za masu 1000 zrna kod genotipova soje GZ 00-III

Medijana GZ 00 je iznosila 149,3 g, a medijane GZ 0 i GZ I imale su slične vrednosti (oko 173 g) dok je GZ II imala manju vrednost medijane od GZ 0 i I (163,5g). Prema podacima iz literature, masa 1000 zrna je uglavnom u negativnoj asocijaciji sa dužinom vegetacije koja može biti srednje jaka, signifikantna (Arshad i sar., 2006; Ramteke i sar., 2010) ili niska, nesignifikantna (Machikowa i Laosuwan, 2011; Mahbub i sar., 2015). Postoje podaci o pozitivnoj signifikantnoj (Reinprecht i sar., 2006; Vollmann i sar., 2000b) ili nesignifikantnoj (Yan i Rajcan, 2002) korelaciji mase 1000 zrna i dužine vegetacije, ali ona najčešće ne prelazi 0,5. Kumar i sar. (2015) pronalaze ja u povezanost između mase 1000 zrna i broja dana do cvetanja, nego između mase 1000 zrna i broja dana do sazrevanja. Egli (1994) ističe da se period naliivanja zrna produžava sa dužinom vegetacije od GZ 00 do GZ I, dok se kasnije grupe zrenja ne razlikuju u dužini ovog perioda, i zaključuje da trajanje faze naliivanja ne raste uvek sa dužinom vegetacije. Masa 1000 zrna veoma zavisi od faktora spoljašnje sredine u periodu naliivanja (temperatura, obezbeđenost vlagom) i najbolji je pokazatelj

povoljnosti određene sredine za gajenje soje (Fu i sar., 2009a). S obzirom da su godine istraživanja okarakterisane kao umereno sušna (2011) i ekstremno sušna (2012), odgovor genotipova na stres prouzrokovao je sličan interval varijacije i smanjenje razlika u masi 1000 zrna između grupa zrenja. Genotipovi GZ 00 su ispoljili najveću osetljivost na sušu, ostvarivši masu 1000 zrna u proseku manju za 15-20 g od ostalih.

Prinos zrna po biljci

Intervali variranja, interkvartilne razlike, medijane i ekstremne vrednosti prinosa zrna po biljci genotipova GZ 00-III predstavljeni su boks-plot dijagramom (grafikon 8).



Grafikon 8: Boks-plot dijagram za prinos zrna po biljci kod genotipova soje GZ 00-III

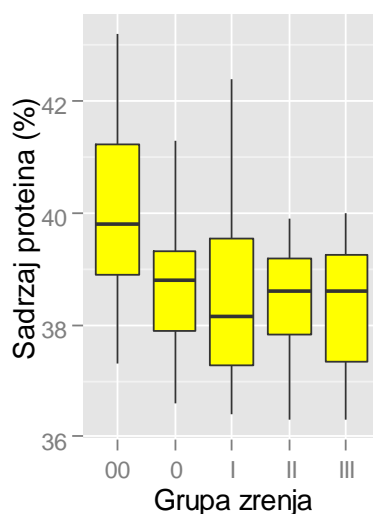
Prinos zrna po biljci najviše je varirao u okviru GZ 0, GZ II i GZ III dok je najveća interkvartilna razlika utvrđena u GZ III. Značajno manji prosečan prinos utvrđen je kod GZ 00, koja se razlikovala od svih ostalih grupa, što je i očekivano obzirom da ovu grupu najviše čine delom čini introdukovani materijal iz Kanade, jedinstven po svojoj klimatskoj i geografskoj adaptaciji (Fu i sar., 2007). Razlike su utvrđene i između GZ 0 na jednoj, i GZ II i GZ III na drugoj strani. Poklapanje boksova GZ I, GZ II i GZ III ukazuje na odsustvo razlika među njima, iako se očekuje da se genotipovi srednje rane, kasne i veoma kasne vegetacije razlikuju po prinosu. Slično referišu i Popović i sar. (2012), utvrdivši veći prinos GZ 0 u odnosu na GZ I u sušnoj godini. Miladinović i sar. (2006a) ističu da kasne sorte zbog dužine vegetacije prolaze

kroz kritične faze formiranja i naliivanja zrna u periodu kad je najveća mogućnost pojave suše, dok ranije sorte izbegnu ovaj period ili prođu brže kroz njega, te je njihov prinos manje redukovan.

Iznadprose ni ekstremi konstatovani su u GZ 0 (K 2 2) i GZ 00 (Krajina), a ispodprose ni u GZ 00 (Mini Soja i Canatto) i GZ I (Chornaja). Vrednosti medijana na boks-plotu ukazuju na povećanje prinosa sa porastom dužine vegetacije od GZ 00 do GZ II što je očekivano s obzirom da genotipovi duže vegetacije imaju veći genetički potencijal za prinos (Vollmann i sar., 2000b; Kabelka i sar., 2004; Palomeque i sar., 2009) zahvaljujući formiranju veće biomase i komponenti prinosa (Rao i sar., 2002; Voldeng i sar. 1997). Miladinović i sar. (2006a) referišu pozitivnu značajnu korelaciju između prinosa zrna na jednoj, i dužine trajanja reproduktivne i vegetativne faze na drugoj strani. Egli (1993) navodi da duža vegetativna faza kasnijih sorti ne obezbeđuje nužno i veći potencijal za prinos. Medijana za prinos zrna u GZ III bila je manja od istog parametra u GZ II, iako se očekuje obrnuto. Uprkos niskoj vrednosti medijane za prinos u GZ III, identifikuje se veći broj genotipova sa prinosom zrna po biljci većim od 16 g (Barc 11-X, Kunitz i PI 416 892).

Sadržaj proteina u zrnu

Boks-plot dijagram (grafikon 9) prezentuje intervale variranja, interkvartilne razlike, medijane i ekstremne vrednosti sadržaja proteina genotipova pet grupa zrenja.

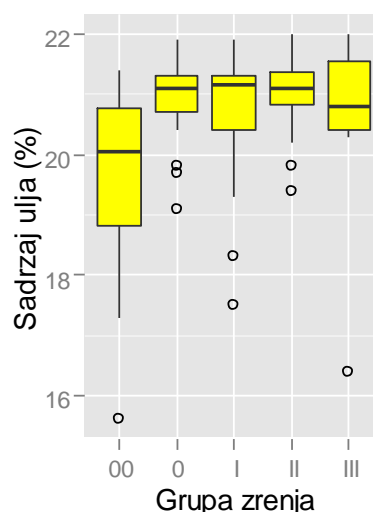


Grafikon 9: Boks-plot dijagram sadržaja proteina u zrnu kod genotipova soje GZ 00-III

Sadržaj proteina u zrnu najviše je varirao kod GZ 00, GZ 0 i GZ I, kod kojih je uo en najširi interval varijacije, a kod GZ 00 i GZ I i najve a interkvartilna razlika. Posmatranjem medijana sadržaja proteina u GZ 00, GZ 0 i GZ I, uo ava se smanjenje sadržaja proteina sa porastom dužine vegetacije, što je u skladu sa rezultatima prethodnih istraživanja (Reinprecht i sar., 2006; Yan i Rajcan, 2002; Baleševi -Tubi i sar., 2012), koja iznose da sorte soje ranijih grupa zrenja sintetišu više proteina u odnosu na sorte kasne vegetacije. Preklapanje boksova grupa zrenja na grafikonu sugerše odsustvo razlika u prose nom sadržaju proteina me u njima. Me utim, maksimalne vrednosti intervala variranja i pomeranje raspodele u pravcu ve eg broja genotipova iznadprose nog sadržaja proteina kod ranijih grupa zrenja (GZ 00, GZ 0 i GZ I), ukazuju da su ove grupe imale zna ajno ve i sadržaj proteina u odnosu na kasne. Ovakvi rezultati su o ekivani obzirom da su obe godine istraživanja bile sušne, a nedostatak vode i visoke temperature u fazi nalivanja zrna dovode do pove anja sadržaja proteina i smanjenja sadržaja ulja (Dornbos i Mullen, 1992). Peri i sar (2014), u sušnoj godini konstatuju zna ajno pove anje sadržaja proteina kod ranih sorti u odnosu na kasne. Sli no navode i Vollmann i sar., (2000a), pronalaze i znatno ve i sadržaj proteina kod ranih sorti u godinama sa visokom temperaturom i redukovanim padavinama u odnosu na godine sa nižim temperaturama i ve om precipitacijom. Izdvaja se GZ 00 u kojoj je medijana za sadržaj proteina iznosila 39,8%, a 3 genotipa (Canatto, Progres i Mini Soja) su imala sadržaj proteina preko 42% (tabela 16), kao i GZ 0 u kojoj je medijana iznosila 38,8% a dva genotipa (Aura i K-1) imala su sadržaj proteina preko 41%. S druge strane, prime uje se da je vrednost medijane za sadržaj proteina GZ I (38,1%) bila niža od vrednosti istog parametra u GZ II i GZ III (38,6%), ali je GZ I imala ve i broj iznadprose nih genotipova, dok su u kasnijim grupama preovla ivali genotipovi sa sadržajem proteina ispod proseka.

Sadržaj ulja u zrnu

Intervali variranja, interkvartilne razlike, medijane i ekstremne vrednosti sadržaja ulja kod genotipova po grupama zrenja predstavljeni su boks-plot prikazom (grafikon 10).



Grafikon 10: Boks-plot dijagram za sadržaj ulja u zrnu kod genotipova soje GZ 00-III

Prema podacima iz literature, genotipovi kasnijih grupa zrenja imaju veći sadržaj ulja i veći prinos zrna, a manji sadržaj proteina u odnosu na ranije genotipove (Balešević-Tubiš i sar., 2012). Dužina vegetacije najčešće je u pozitivnoj korelaciji sa sadržajem ulja (Vollman i sar., 2000b; Yaklich i sar., 2002), mada se, konsultujući literaturu, može pronaći i negativna korelacija između dužine vegetacije i sadržaja ulja (Bellaloui i sar., 2009; Eskandari i sar., 2013). Na osnovu rezultata ovog istraživanja, ne uočava se pravilan porast sadržaja ulja sa dužinom vegetacije. Uvidom u boks-plot dijagram, zapaža se da su medijane za sadržaj ulja u tri grupe (GZ 0, GZ I i GZ II) imale slične vrednosti (oko 21%), a medijana sadržaja ulja u najkasnijoj grupi (20,8%) imala je nižu vrednost od medijana u navedenim ranijim grupama. Slične rezultate dobili su Yaklich i sar. (2002) ispitujući sadržaj ulja kod sorti soje GZ 00-VIII u severnom i južnom regionu SAD i Kanade. Prethodni autori su utvrdili da je najveći sadržaj ulja ostvaren kod sorti srednje dužine vegetacije za dati region (GZ II-IV) koje ujedno zauzimaju i najveće površine pod sojom, dok je sadržaj ulja ranijih (GZ 0-I) i kasnijih sorti (GZ V-VII) bio niži. Osim toga, moguće je da je umerena suša na obe lokacije 2011. i ekstremna suša u toku 2012. godine uticala na promenu korelativnih odnosa između dužine vegetacije na jednoj, i sadržaja ulja i proteina na drugoj strani. Balešević-Tubiš i sar. (2011) ističu da je negativna korelacija sadržaja ulja i proteina veoma zavisna od faktora spoljašnje sredine i uočava se uglavnom u sredinama u kojima se postiže visok prinos, tj. u povoljnim uslovima. Iako je GZ III imala nižu

vrednost medijane za sadržaj ulja, uo ča se ve i broj iznadprose nih genotipova u odnosu na ostale grupe, pa je ova grupa potencijalni izvor germplazme za oplemenjivanje na pove an sadržaj ulja. Sa oplemenjiva kog aspekta zna ajna je i GZ 00, kao grupa kratke vegetacije i relativno visokog sadržaja ulja. Genotipovi GZ 00 sintetisali najmanju koli inu ulja, i najve i sadržaj proteina u zrnu.

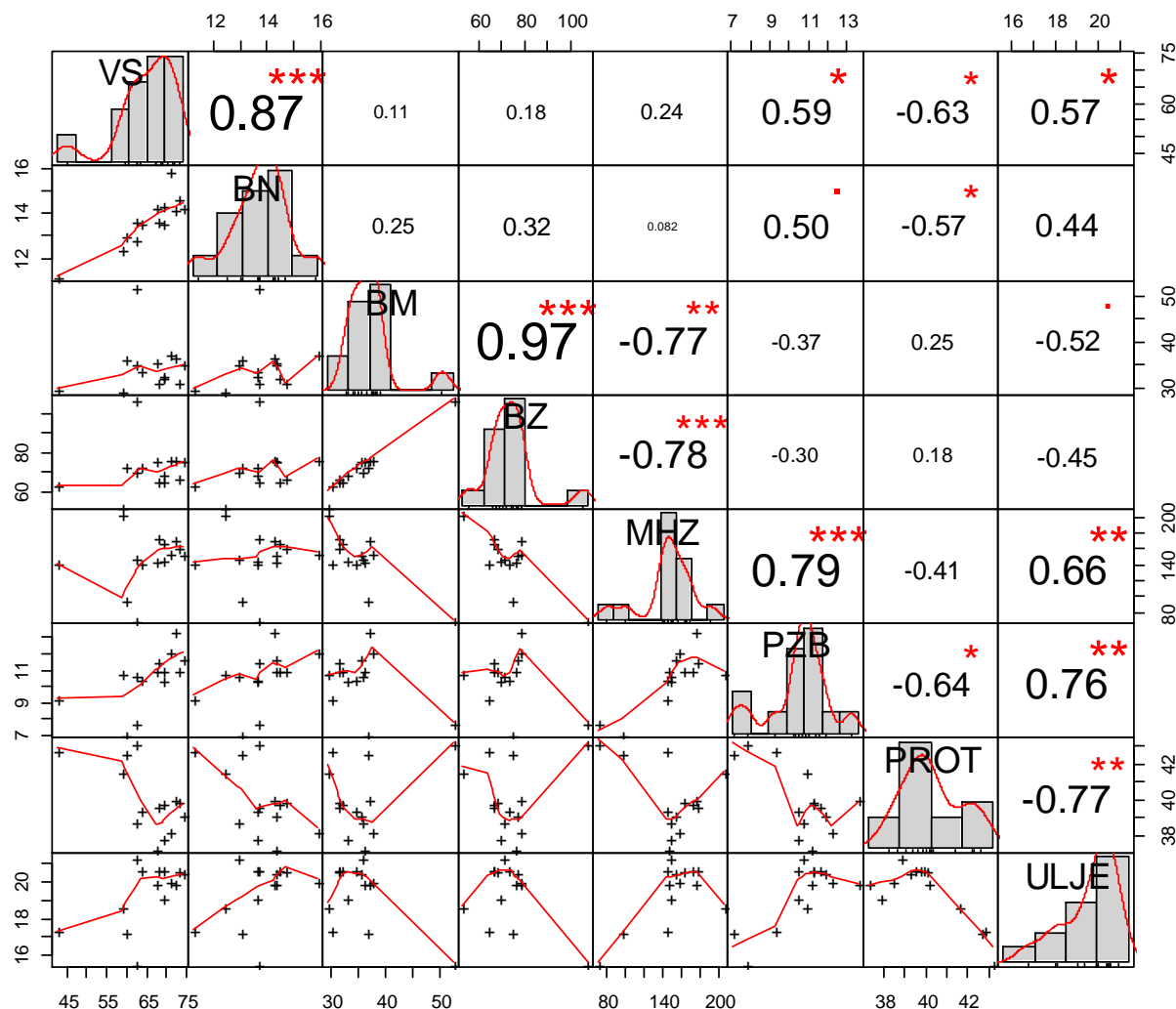
5.2.2. Me uzavisnost osobina po grupama zrenja

Grupa zrenja 00

Pearson-ovi koeficijenti korelacije izme u agronomskih osobina genotipova soje GZ 00 predstavljeni su na grafikonu 11. Pozitivna visoko-signifikantna korelacija utvr ena je izme u broja mahuna i broja zrna po biljci (0,97***), a potom izme u broja nodusa i visine stabla (0,87**). Prinos zrna po biljci bio je u visokoj pozitivnoj i visoko-signifikantnoj korelaciji sa masom hiljadu zrna (0,79**), i posledi no, negativnoj niskoj nesignifikantnoj korelaciji sa brojem zrna (-0,30) i mahuna (-0,37). Masa 1000 zrna bila je u negativnoj i visoko-signifikantnoj korelaciji sa brojem mahuna (-0,77**) i brojem zrna (-0,78***). Sli ne korelativne odnose prinosa, mase 1000 zrna, broja mahuna i zrna po biljci pronalaze i Pedersen i Lauer (2004), zaklju uju i da je visoka pozitivna asocijacija prinosa sa veli inom zrna propr ena negativnom asocijacijom sa brojem mahuna i zrna. Board i sar. (1999) su utvrdili da su masa 1000 zrna i broj zrna negativno korelisani, i da pri uticaju na prinos, obe komponente imaju podjednak indirektan negativan efekat jedna preko druge, pa zaklju uju da broj zrna i masa 1000 zrna na prinos deluju po principu kompenzacije komponenti (Egli, 1994). Analizom putanje, Kumar i sar. (2015) pronalaze da je masa 1000 zrna komponenta sa najja im direktnim uticajem na prinos, i da na masu 1000 zrna najviše uti e dužina vegetacije, dok je uticaj broja dana do cvetanja i broja zrna po biljci visok, negativan i direktan.

Sadržaj ulja i proteina bili su u visokoj visoko signifikantnoj negativnoj korelaciji (-0,77**), dok je prinos bio negativno korelisan sa sadržajem proteina (-0,64**) a pozitivno sa sadržajem ulja (0,76**). Negativna korelacija sadržaja ulja i proteina, kao i pozitivna povezanost prinosa sa uljem i negativna sa proteinima, u saglasnosti je sa rezultatima brojnih istraživanja (Li i Burton, 2002; Taški-Ajdukovi i sar., 2010), i objašnjava se dvojako - tesnom vezanoš u nekoliko gena u odre enom

hromozomskom regionu od kojih svaki kontrolise jednu osobinu ili plejotropnim efektom jednog gena koji kontrolise više osobina (Chung i sar., 2003).



Grafikon 11: *Pearson*-ovi koeficijenti korelacije (iznad dijagonale) agronomskih osobina kod genotipova GZ 00 [***($p < 0,001$) i **($p < 0,01$)-visoko statisti ki zna ajno; *($p < 0,05$) statisti ki zna ajno]

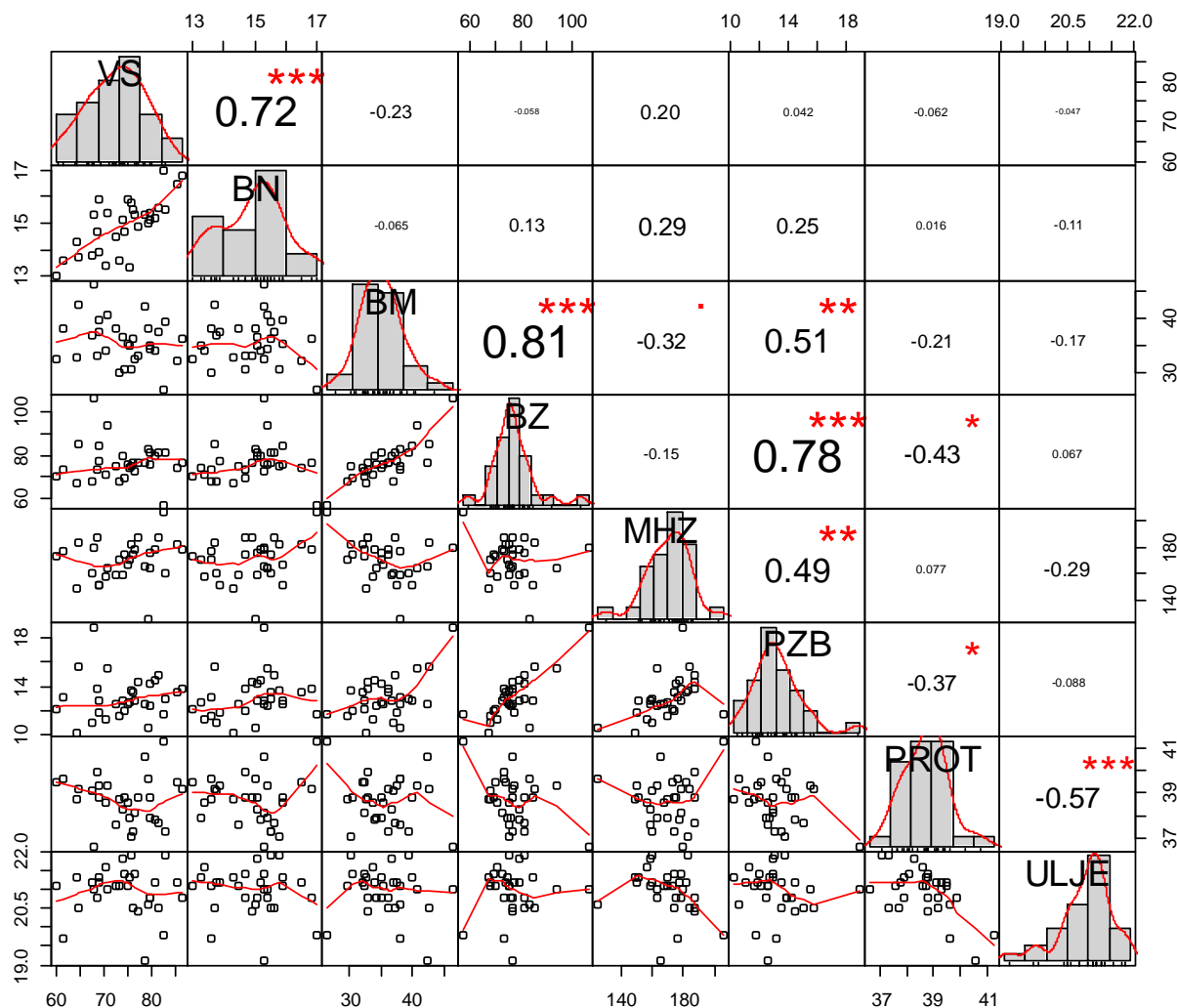
Masa 1000 zrna bila je u pozitivnoj umereno jakoj i visoko signifikantnoj korelaciji sa sadržajem ulja (0,66**) i niskoj negativnoj nesignifikantnoj korelaciji sa sadržajem proteina (-0,41). Sli ne relacije izme u tri osobine pronalaze Li i Burton (2002), u jednoj od tri ispitivane populacije dobijene u sistemu slu ajne oplodnje uz primenu muške sterilnosti, sugerišu i da bi se selekcijom na krupno zrno mogao pove ati sadržaj ulja bez velike redukcije sadržaja proteina.

Uporeivanjem značajnosti korelacija visine stabla i prinosa zrna kod posmatranih grupa zrenja, signifikantna korelacija dve osobine ($0,59^*$) utvrđena je samo u okviru GZ 00, i bila je pozitivna i srednje jačine. Signifikantnu nisku pozitivnu korelaciju ($0,27^*$) referišu i Kabelka i sar. (2004). Iz literature je poznato da su direktni efekti visine stabla na prinos mnogo manji od indirektnih efekata preko broja mahuna i broja zrna po biljci (Sudari i Vratari, 2002).

Grupa zrenja 0

Grafikon 12 prezentuje *Pearson*-ove koeficijente korelacije između agronomskih osobina genotipova soje GZ 0. Kao i u prethodno analiziranoj grupi, najvažnija pozitivna visoko signifikantna vrednost korelacije u okviru GZ 0 utvrđena je između broja mahuna i broja zrna po biljci ($0,81^{***}$). Jaka asocijacija ove dve osobine utvrđena je i u prethodnim istraživanjima (Board i sar., 1999; Machikowa i Laosuwan, 2011). Prinos zrna bio je u pozitivnoj visokoj i visoko značajnoj korelaciji sa brojem zrna po biljci ($0,78^{***}$), i srednje jakoj pozitivnoj i visoko signifikantnoj korelaciji sa brojem mahuna ($0,51^{**}$) i masom 1000 zrna ($0,49^{**}$).

Fenotipski (Board i sar., 1999) kao i genetički (Žilić, 1996; Perić, 2009) koeficijenti korelacije broja zrna i prinosa zrna po biljci s jedne, i broja mahuna i prinosa zrna s druge strane, pokazuju da je uticaj broja zrna mnogo veći od uticaja broja mahuna na prinos. Sa ovim je saglasna i analiza putanje (Hrustić i sar., 1985; Sudari i Vratari, 2002), u kojoj je utvrđen najjači direktan efekat broja zrna na prinos zrna, pa se broj zrna po biljci pokazao kao najbolji selekциони kriterijum. Ipak, prilikom selekcije na prinos mora se uzeti u obzir negativan indirektan efekat broja zrna preko mase 1000 zrna, koji je najčešće maskiran visokim direktnim uticajem broja zrna (Hrustić i sar., 1985), pa bi selekciju trebalo voditi u pravcu odabira genotipova većeg broja zrna zadovoljavajući i krupnoće. Kao i u GZ 00, visina stabla bila je u jakoj visoko značajnoj asocijaciji sa brojem nodusa ($0,72^{***}$), ali je niska korelacija broja nodusa i broja mahuna po biljci uzrokovala odsustvo korelacije između visine stabla i prinosa zrna ($0,042$), što je i očekivano obzirom da visina stabla deluje na prinos preko broja mahuna i zrna po biljci (Rajput i sar., 1987; Perić, 2009).



Grafikon 12: *Pearson*-ovi koeficijenti korelacije (iznad dijagonale) agronomskih osobina kod genotipova GZ 0 [***($p < 0,001$) i **($p < 0,01$)-visoko statisti ki zna ajno; *($p < 0,05$) statisti ki zna ajno]

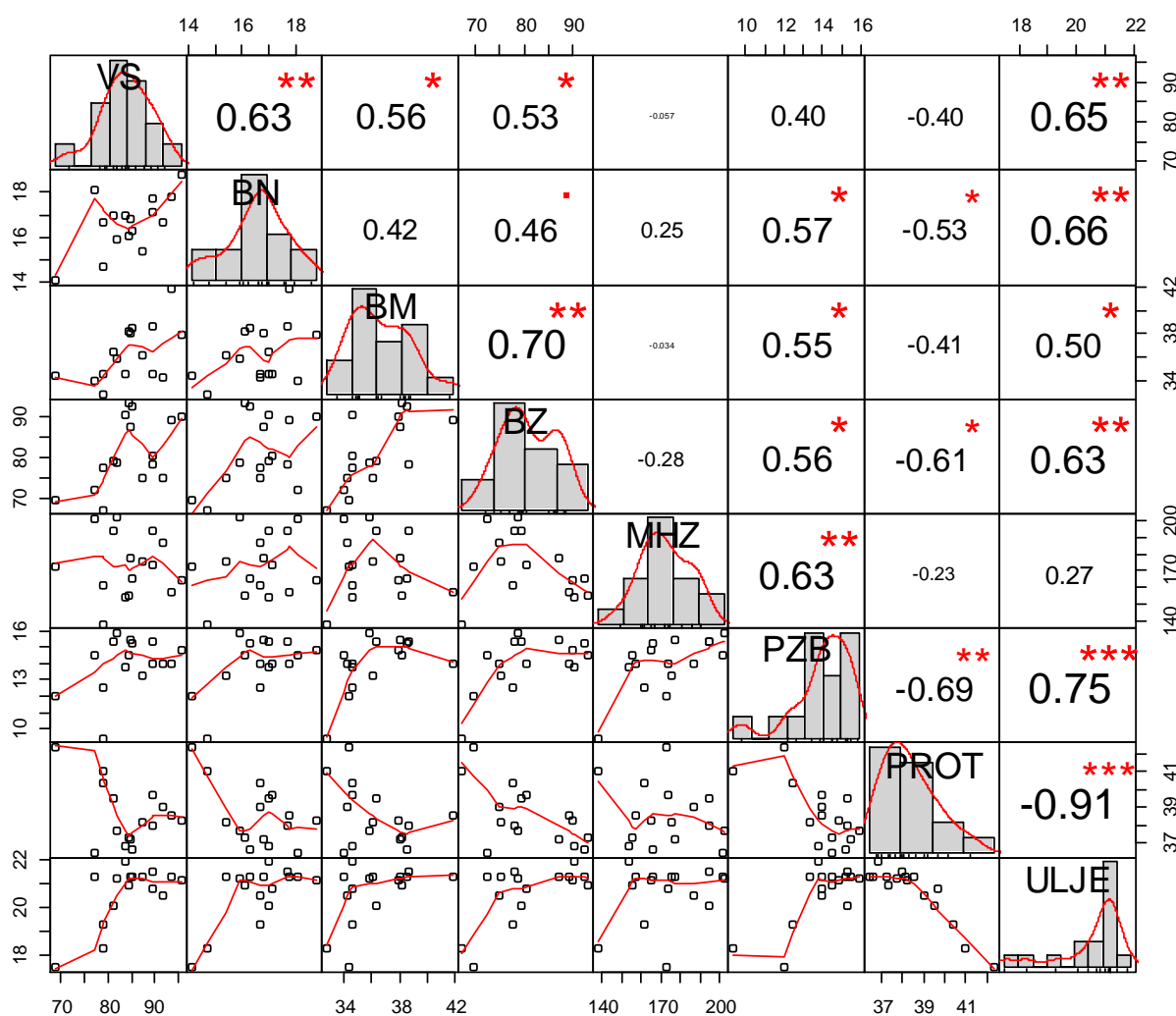
Sadržaj ulja i proteina bili su u umereno jakoj, negativnoj, visoko signifikantnoj korelaciji (-0,57***). Izme u prinosa zrna i sadržaja ulja utvr ena je veoma niska, negativna i nesignifikantna korelacija (-0,068), dok je korelacija prinosa i sadržaja proteina bila niska negativna i signifikantna (-0,37*). Negativnu nisku i nesignifikantnu korelaciju izme u prinosa i ulja u svom istraživanju dobili su i drugi autori (Eskandari i sar., 2013; Yan i Rajcan, 2002), dok su Kabelka i sar. (2004) utvrdili potpuno odsustvo korelacije. Miladinovi i sar. (2006a) su utvrdili znatno variranje ja ine, smeru i zna ajnosti korelacije ulja i prinosa kod 4 sorte soje razli itih grupa zrenja u zavisnosti od sredine (lokacija i godina), pa su u nekim sredinama utvrdili i jaku negativnu korelaciju sadržaja ulja i prinosa zrna. Heterogen geneti ki sastav i najve a brojnost (31

genotip) ove grupe zrenja u odnosu na ostale proučavane grupe uticao je na smer i jačinu povezanosti prinosa, sadržaja ulja i proteina. Bellaloui i sar. (2009) istu da je varijabilnost ovih osobina kao i konzistentnost korelacija među njima uslovljena ne samo grupom zrenja, već i genetičkom osnovom genotipova u okviru grupe, faktorima sredine i interakcijom svakog genotipa sa uslovima koji vladaju u datoj sredini.

Masa 1000 zrna bila je u slaboj nesignifikantnoj korelaciji sa sadržajem proteina (0,077) i nesignifikantnoj negativnoj korelaciji sa sadržajem ulja (-0,29). Varijacija u korelaciji mase hiljadu zrna sa sadržajem ulja i proteina (razlike u smeru, značajnosti) je referisana u prethodnim studijama (Reinprecht i sar., 2006; Specht i sar., 2001).

Grupa zrenja I

Grafikon 13. prikazuje međuzavisnost agronomskih osobina genotipova soje GZ I.



Grafikon 13: Pearson-ovi koeficijenti korelacije (iznad dijagonale) agronomskih osobina kod genotipova GZ I [***($p < 0,001$) i **($p < 0,01$)-visoko statistički značajno; *($p < 0,05$) statistički značajno]

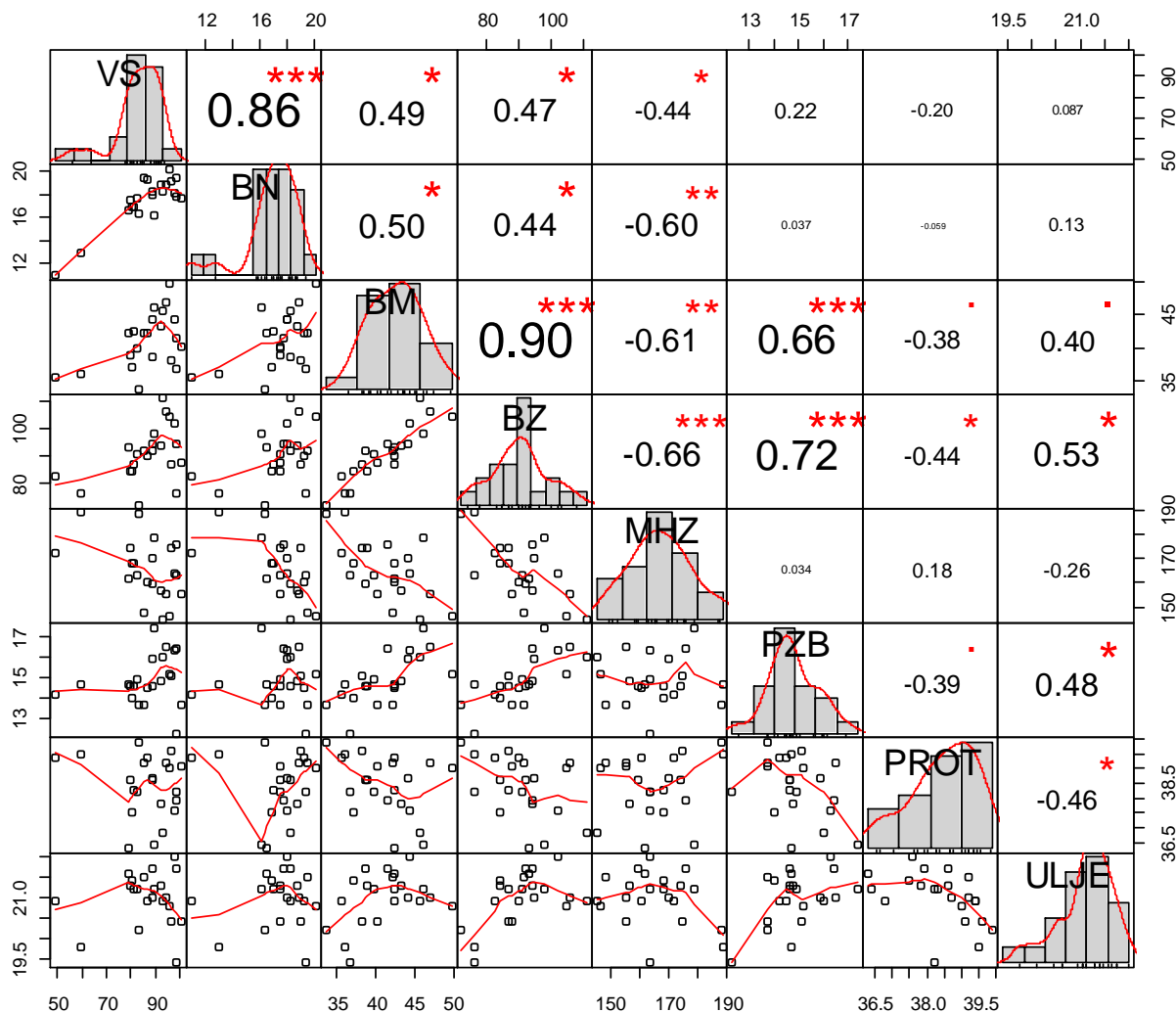
Najveći i koeficijent korelacije utvrđen je između sadržaja ulja i proteina i bio je negativan i visoko signifikantan ($-0,91^{***}$). Prinos zrna bio je u negativnoj visoko signifikantnoj korelaciji sa sadržajem proteina ($-0,69^{**}$) i pozitivnoj visoko značajnoj korelaciji sa sadržajem ulja ($0,75^{**}$). Negativna povezanost prinosa sa sadržajem proteina i pozitivna sa sadržajem ulja, kao i negativna asocijacija proteina i ulja potvrđena je u mnogim istraživanjima (Taški-Ajduković i sar., 2010; Li i Burton, 2002).

Između mase 1000 zrna i sadržaja proteina utvrđena je niska negativna nesignifikantna ($-0,23$) a između mase 1000 zrna i sadržaja ulja niska pozitivna nesignifikantna korelacija ($0,27$), što je u saglasnosti sa koeficijentima fenotipskih korelacija koje iznose Sudari i Vratari (2002). Drugi autori referišu nisku negativnu signifikantnu korelaciju između mase 1000 zrna i sadržaja ulja (Yan i Rajcan, 2002; Reinprecht i sar., 2006) i nisku pozitivnu nesignifikantnu (Yan i Rajcan, 2002) ili signifikantnu (Reinprecht i sar., 2006) korelaciju mase 1000 zrna i sadržaja proteina.

Prinos zrna po biljci bio je u visokoj pozitivnoj i visoko signifikantnoj korelaciji sa masom 1000 zrna ($0,63^{**}$), i srednjoj pozitivnoj signifikantnoj korelaciji sa brojem zrna ($0,56^{*}$) i brojem mahuna ($0,55^{*}$). Upoređivanjem koeficijenata korelacije navedene tri komponente prinosa sa prinosom, zaključuje se da je masa 1000 zrna komponenta sa najvećim uticajem na prinos. Istovremeno, je masa 1000 zrna bila u veoma slaboj negativnoj i nesignifikantnoj asocijaciji sa brojem mahuna ($-0,34$) i brojem zrna ($-0,28$), pa možemo pretpostaviti da bi se odabirom genotipova krupnijeg zrna u okviru GZ I mogao poboljšati prinos bez značajnog smanjenja broja zrna i broja mahuna. Šurlan-Momirović i sar. (1990) utvrdili su srednje jaku visoko signifikantnu genetičku korelaciju između mase 1000 zrna i prinosa, i jak direktan efekat ove osobine na prinos. Indirektni uticaji mase 1000 zrna na prinos dobijeni analizom putanje pokazuju pozitivan slab i nesignifikantan uticaj mase 1000 zrna preko broja mahuna, i negativan slab i nesignifikantan uticaj preko broja zrna (Šurlan-Momirović i sar., 1990; Sudari i Vratari, 2002). Signifikantna korelacija između broja nodusa i prinosa zrna po biljci utvrđena je jedino u okviru ove grupe, i bila je pozitivna i srednje jaka ($0,57^{*}$). Slike vrednosti koeficijenata korelacije prinosa i broja nodusa i jake direktne uticaje broja nodusa na prinos referišu i Board i sar. (1997). Sudari i Vratari (2002) iznose nisku nesignifikantnu korelaciju broja nodusa i prinosa, zaključuju i da je direktan efekat broja nodusa na prinos slabiji od indirektnog efekta preko broja mahuna i broja zrna.

Grupa zrenja II

Pearson-ovi koeficijenti korelacije agronomskih osobina kod genotipova soje GZ II prezentovani su na grafikonu 14.



Grafikon 14: Pearson-ovi koeficijenti korelacije (iznad dijagonale) agronomskih osobina kod genotipova GZ II [***($p < 0,001$) i **($p < 0,01$)-visoko statisti ki zna ajno; *($p < 0,05$) statisti ki zna ajno]

U okviru GZ II, najja a korelacija utvr ena je izme u broja mahuna i broja zrna po biljci (0.90***) i bila je pozitivna i visoko signifikantna. S druge strane, korelacija broja mahuna i mase 1000 zrna bila je srednje jaka, negativna i visoko signifikantna (-0.61**), što je u skladu sa navodima literature (Malik i sar. 2007; Źili , 1996, Peri , 2009), obzirom da genotipovi sa velikim brojem mahuna i zrna po biljci formiraju sitnija zrna. Analizom putanje, Board i sar. (1999) su utvrdili da su direktni efekti broja

mahuna na broj zrna po biljci dvostruko ve i od direktnih efekata broja zrna po mahuni, ali razmatranjem indirektnih efekata jedne komponentne preko druge na broj zrna, uo ava se sli an obrazac kompenzacije komponenti kao kod broja zrna i veli ine zrna, mada je nivo kompenzacije nešto manji, pa selekcija na ve i broj mahuna može voditi ka umerenom pove anju broja zrna. Broj nodusa i visina stabla bili su u jakoj pozitivnoj i visoko-signifikantnoj korelaciji, kao i u ostalim grupama zrenja, što je u saglasnosti sa rezultatima prethodnih istraživanja (Ramteke i sar., 2010; Peri , 2009).

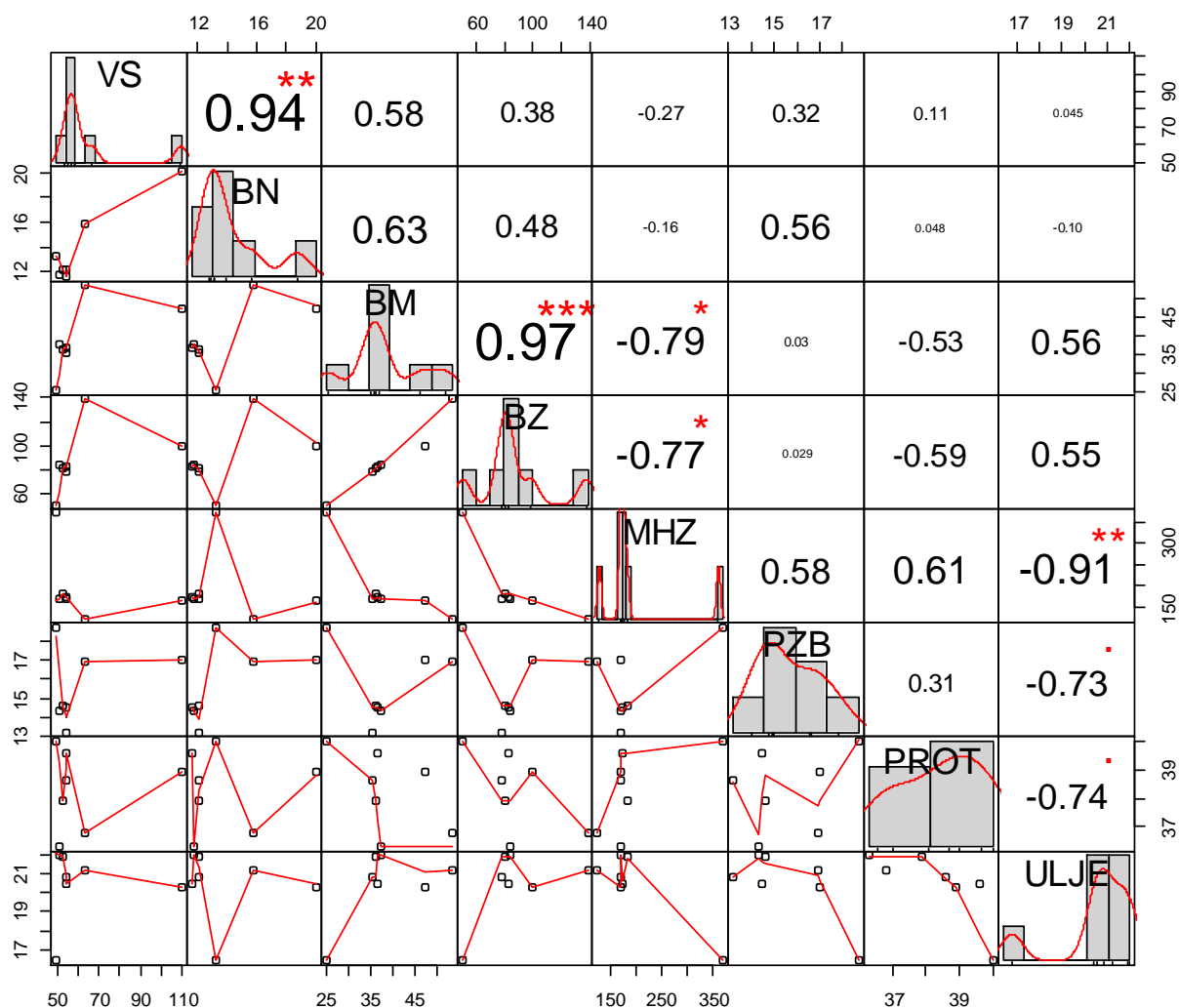
U okviru GZ II utvr eno je da je prinos zrna bio u visokoj pozitivnoj visoko zna ajnoj korelaciji sa brojem zrna ($0,72^{***}$) i brojem mahuna ($0,66^{***}$), dok je korelacija sa masom 1000 zrna izostala. Visoku zna ajnu pozitivnu asocijaciju prinosa sa brojem zrna ($0,67^*$) i brojem mahuna ($0,75^*$) na jednoj, i nisku nesignifikantnu povezanost sa masom 1000 zrna ($0,07$) na drugoj strani utvrdili su i Board i sar. (1997), istovremeno utvr uju i najja i direktan efekat broja zrna na prinos i mali negativan indirektan efekat broja mahuna. S obzirom na odsustvo korelacije prinosa i mase 1000 zrna, moglo bi se pogrešno zaklju iti da bi, u okviru GZ II, selekcija na prinos preko broja zrna mogla voditi ka poboljšanju prinosa zrna bez velikog negativnog efekta mase 1000 zrna. Me utim, visoka i visoko zna ajna negativna korelacija broja zrna i mase 1000 zrna ($-0,66^{**}$) koju u svom istraživanju konstatuju i Board i sar. (1999), upu uje na zaklju ak da bi selekciju trebalo obaviti na što je mogu e ve i broj zrna zadovoljavaju e krupno e (Hrusti i sar., 1985; Šurlan-Momirovi , 1987).

U okviru grupe zrenja II, izme u sadržaja ulja i proteina utvr ena je srednje jaka negativna i signifikantna korelacija ($-0,46^*$). Negativnu srednje-jaku zna ajnu asocijaciju dve osobine referišu i Reinprecht i sar. (2006) u populaciji rekombinovanih inbred linija soje srednje-kasne vegetacije, i Yaklich i sar. (2002) u okviru sorti GZ II testiranih u višegodišnjim multilokacijskim ogledima. Konsultovanjem literature uo ava se velika varijacija u ja ini, smeru i zna ajnosti korelacije sadržaja ulja i proteina u zavisnosti od ispitivanog seta genotipova (Li i Burton, 2002), grupe zrenja (Yaklich i sar., 2002) i spoljašnje sredine (Miladinovi i sar., 2006a; Baleševi -Tubi i sar., 2011). Prinos zrna bio je u negativnoj i nesignifikantnoj korelaciji sa sadržajem proteina ($-0,39$) i pozitivnoj signifikantnoj korelaciji sa sadržajem ulja ($0,48^*$). Sudari i Vratari (2002) navode sli ne vrednosti korelacije prinosa sa sadržajem proteina ($-0,43$) i ulja ($0,51^*$). Rezultati dobijeni u ovom radu saglasni su rezultatima Chung i sar. (2003), koji

iznose da je negativna korelacija protein – prinos naj eš e manja od negativne korelacije protein – ulje.

Grupa zrenja III

Korelaciona povezanost agronomskih osobina genotipova soje u okviru GZ III prikazana je na grafikonu 15. Trebalo bi naglasiti da je ovo najmanje brojna grupa (svega 7 genotipova) pa se interpretacija dobijenih korelacionih odnosa svodi na uslovno tuma enje.



Grafikon 15: Pearson-ovi koeficijenti korelacije (iznad dijagonale) agronomskih osobina kod genotipova GZ III [***($p < 0,001$) i **($p < 0,01$)-visoko statisti ki zna ajno; *($p < 0,05$) statisti ki zna ajno]

Utvrđena je visoko signifikantna i pozitivna korelacija između broja zrna i broja mahuna ($0,97^{***}$), signifikantna negativna povezanost broja zrna i mase 1000 zrna ($-0,77^*$) i negativna signifikantna asocijacija broja mahuna i mase 1000 zrna ($-0,79^*$). Nijedna komponenta prinosa nije bila u korelaciji sa prinosom, pa je pretpostavka da su komponente uticale na prinos preko jačih međusobnih indirektnih efekata. Do sličnih vrednosti fenotipskih koeficijenata korelacije došli su Sudari i Vratari (2002), utvrdivši da ni jedna od komponenti prinosa proučavanih i u našem radu nije u značajnoj korelaciji sa prinosom, ali je analiza putanje izdvojila značajne direktne i indirektno efekte komponenti. GZ III se odlikuje specifičnim genotipskim sastavom, s obzirom da su svi genotipovi (osim sorte Kunitz) determinantnog tipa porasta stabla. Efekti genotipa na komponente prinosa (visinu stabla, broj nodusa i masu hiljadu zrna) bili su višestruko veći i u poređenju sa efektima genotipa kod ostalih grupa zrenja (tabela 8, 9 i 12), a utvrđene su i veće vrednosti interakcije genotipa i spoljašnje sredine za visinu stabla, broj nodusa, broj mahuna i broj zrna u odnosu na ostale grupe. U okviru ove grupe, prisutan je i veliki broj ekstrema za vrednosti komponenti prinosa, kao što pokazuju boks-plot dijagrami (grafikon 3, 4, 5, 6 i 7), što je, u sveukupnom rezultatu prouzrokovalo specifične korelativne veze između komponenti prinosa i prinosa.

Sadržaj ulja i proteina bili su u negativnoj i nesignifikantnoj korelaciji ($-0,74$). Masa 1000 zrna bila je u pozitivnoj nesignifikantnoj korelaciji sa sadržajem proteina ($0,61$), i negativnoj visoko signifikantnoj korelaciji sa sadržajem ulja ($-0,91^{**}$). Prinos zrna bio je u pozitivnoj i nesignifikantnoj korelaciji sa sadržajem proteina ($0,31$) i negativnoj nesignifikantnoj korelaciji sa sadržajem ulja ($-0,73$).

Iako najveći i broj literaturnih podataka potvrđuje negativnu korelaciju prinosa zrna sa sadržajem proteina i pozitivnu korelaciju prinosa sa sadržajem ulja, manji broj istraživanja referiše drugačije rezultate (Ray i sar., 2006; Eskandari i sar., 2013). Neuobičajenu pozitivnu korelaciju prinosa zrna i mase 1000 zrna sa sadržajem proteina, i negativnu korelaciju prinosa zrna i mase 1000 zrna sa sadržajem ulja utvrdili su i Vollmann i sar. (2000b). Varijacija u uslovima spoljašnje sredine (prvenstveno obezbeđenost azotom) koja dovodi do istovremenog povećanja prinosa i sadržaja proteina utiče na pozitivnu korelaciju dve osobine. Moguće je da je kod sorti kasne vegetacije period naliivanja zrna tekao u klimatski-povoljnijem periodu vegetacione sezone koji je istovremeno favorizovao sintezu proteina i formiranje komponenti

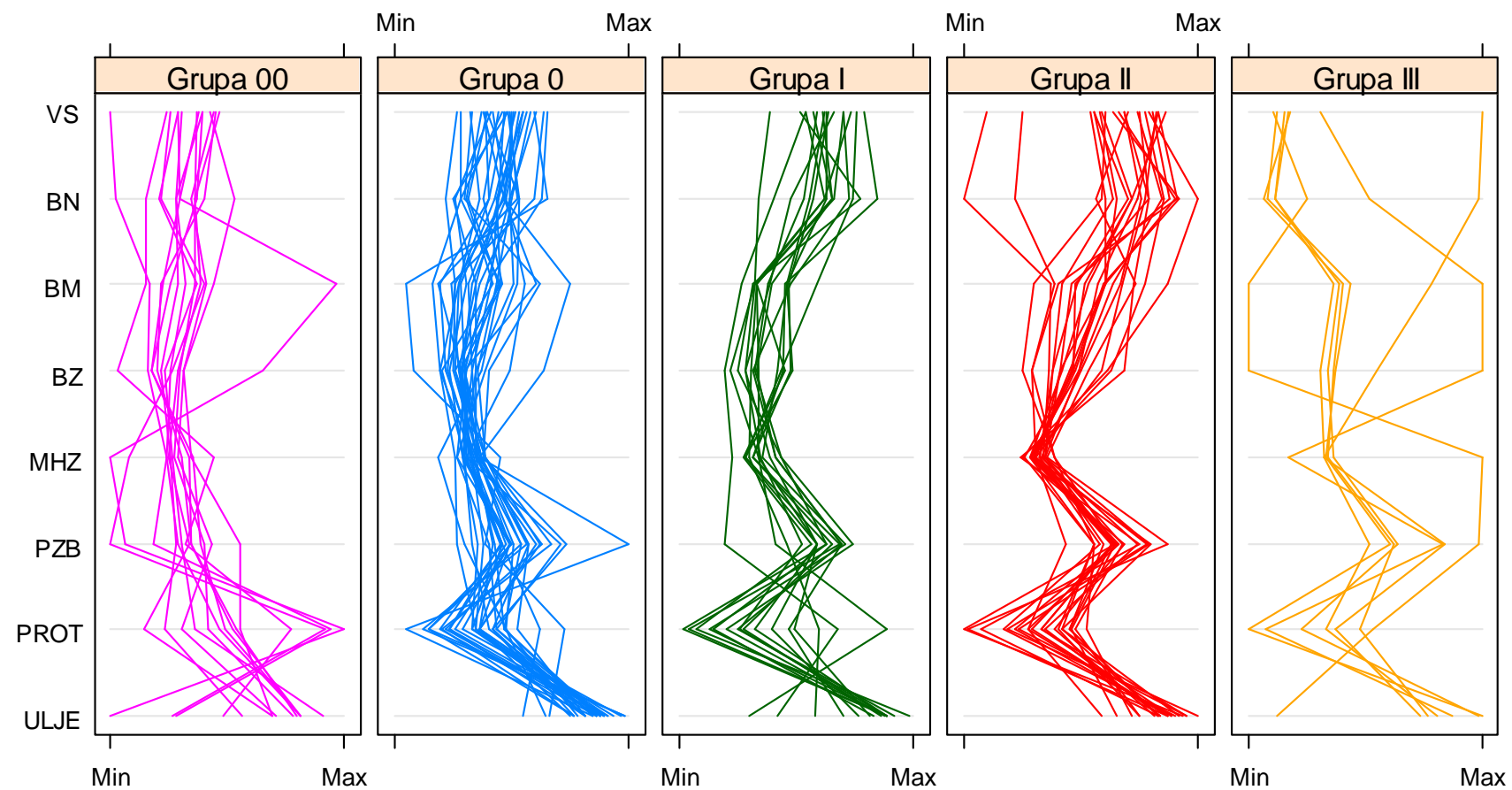
prinosu. Miladinović i sar. (2006a) su, ispitujući 4 sorte soje različitih grupa zrenja stvorene u Srbiji, na dve geografski udaljene lokacije (Srbija i Japan), utvrdili da je kod sorti ispitivanih u Japanu došlo do promene u pravilnosti rangiranja prinosa genotipova različitih grupa zrenja, i shodno tome, do promena u uobičajenom smeru korelacije prinosa sa sadržajem proteina i ulja. Prethodno se može primeniti i na rezultate ovog rada. GZ III sadrži izvestan procenat egzotične germplazme, pa su genotipovi u okviru nje pokazali specifičnu reakciju na klimatski veoma kontrastan lokalitet u odnosu na region porekla germplazme koja je uestvovala u njihovom stvaranju.

5.2.3. Prikaz paralelnih koordinata

Prikaz paralelnih koordinata (PCP-*parallel coordinate plots*) je efikasna tehnika za prezentaciju multivarijacionih podataka, predložena od strane Inselberg i sar. (1985). PCP predstavlja opservacije kao seriju neprekinutih linija koje prolaze kroz paralelne ose, od kojih svaka predstavlja različitom varijablu. U našem slučaju, svaka neprekinuta linija predstavlja jedan genotip, a paralelne ose agronomске osobine. Koristeći PCP za vizualizaciju kvantitativnih osobina kod genotipova ozime pšenice, Ešed i sar. (2010) navode osnovne prednosti PCP prikaza: prezentacija multivarijacionih podataka na jednom grafikonu, pri čemu set može sadržati i više hiljada podataka, te utvrđivanje strukture grupisanja među genotipovima i analiza korelacija između varijabli. Kozak (2010) preporučuje upotrebu PCP u selekciji „interesantnih genotipova“ soje u slučaju kada postoji više osobina od interesa za selekciju, u upoređivanju ovakvih genotipova u odnosu na ostale, i za prikaz performansa genotipa u različitim sredinama.

Pošto su razlike u strukturi variranja pojedinih osobina među grupama zrenja detaljno analizirane u boks-plot prikazu, PCP je ovde bio u funkciji detekcije genotipova sa najvećim brojem agronomski značajnih osobina, kako bi se izabrali potencijalni roditelji za buduća ukrštanja. U identifikaciji linija koje označavaju karakteristične genotipove na plotu, korišćene su tabele 16, 17, 18, 19 i 20.

Može se primetiti da je, ukoliko se izuzmu ekstremi za pojedine osobine prisutni u svakoj grupi, struktura variranja osobina kod genotipova različitih grupa zrenja bila uglavnom slična kod GZ 00, GZ 0, GZ I i GZ II. Kod GZ III uočava se specifičan model variranja, uslovljen genotipskim sastavom ove grupe (genotipovi polupatuljastog tipa porasta, determinantnog stabla).



Grafikon 16: Prikaz paralelnih koordinata za genotipove soje različitih grupa zrenja prema prosecima agronomskih osobina

Posmatranjem prikaza paralelnih koordinata GZ 00, uo čava se grupa genotipova visokog sadržaja proteina, ali niskog prinosa zrna i sadržaja ulja. Genotip Kabott istakao se visokim sadržajem proteina, dok je za sadržaj ulja i prinos zrna bio intermedijaran. Genotip sa najvećim prinosom zrna po biljci (Krajina) imao je istovremeno i srednji sadržaj proteina i sadržaj ulja malo ispod proseka. Primećuje se i jasno izdvajanje genotipa Mini Soja u odnosu na ostale, prema broju mahuna i zrna po biljci. Međutim, niska vrednost mase 1000 zrna uticala je na nizak rang prinosa ovog genotipa.

U okviru GZ 0, uo čava se genotip K-1, kao genotip sa najvećim brojem nodusa, ali i najmanjim brojem mahuna i zrna po biljci i posledično, najvećom masom 1000 zrna. Genotip K 2 2 imao je najveći broj mahuna i broj zrna po biljci, i masu 1000 zrna iznad proseka, pa je ostvario i najveći prinos zrna po biljci. Drugi po prinosu genotip (Lanka), po sadržaju proteina bio je iznad proseka grupe, sa procentom ulja nešto ispod proseka, pa je potencijalno koristan u stvaranju genotipova visokog prinosa zrna sa zadovoljavajućim sadržajem proteina.

U GZ I, izdvajaju se genotipovi najvećeg prinosa zrna - Balkan i Brock. Genotip Balkan imao je i najveću masu 1000 zrna, dok je za broj mahuna i broj zrna po biljci bio iznad proseka grupe. Genotip Brock ostvario je drugi po redu prinos zrna, i za broj mahuna i masu 1000 zrna bio je iznad proseka grupe. Dva genotipa najvećeg sadržaja proteina (Chornaja i Danijela) imala su najmanji prinos zrna i najniži sadržaj ulja.

Genotip Vertex formirao je najveći prinos zrna po biljci, uz istovremeno veoma visok formirani broj mahuna, broj zrna i masu 1000 zrna. Genotip Lana ostvario je četvrti po redu prinos zrna, broj mahuna i broj zrna po biljci veći od proseka, dok je za masu 1000 zrna bio intermedijaran. Ovaj genotip istovremeno je imao i maksimalni sadržaj ulja u grupi. U okviru GZ II, genotip Nena je bio drugi po visini prinosa, broju mahuna i broju zrna po biljci, poseduju i sadržaj ulja blizu proseka grupe. Genotip Kineska je po sadržaju proteina bio treći i po rangui, ostvarivši i intermedijaran prinos, ali nizak sadržaj ulja pa može imati doprinos u selekciju na povećan prinos i zadovoljavajući sadržaj proteina. Genotip Lidija bio je treći i po rangui prinosa i sadržaja ulja, ostvarivši srednje visoku masu 1000 zrna i broj zrna iznad proseka, dok je po sadržaju proteina bio malo ispod proseka grupe.

Genotip Barc 11-X imao je najveći broj mahuna i zrna po biljci, i uprkos nižoj masi 1000 zrna, svrstao se među najprinosnije genotipove grupe, sa trećim po visini

prinosom. Genotip PI 416 892 je imao najniže stablo i najmanji broj nodusa, mahuna i zrna po biljci, ali je formirao najkrupnije zrno, značajno veće mase od proseka i ostvario najveći prinos u grupi. Genotip najveće visine stabla i broja nodusa (Kunitz) bio je jedini genotip u okviru grupe sa indeterminantnim stablom, dok su ostatak činili genotipovi determinantnog stabla.

5.2.4. Multivarijacione metode u analizi grupisanja genotipova na osnovu agronomskih osobina

Među statističkim metodama, Mohammadi i Prasanna (2003) ističu značaj upotrebe utvrđenog multivarijacionog statističkog algoritma u klasifikaciji germplazme i analizi srodnosti materijala za oplemenjivanje, pri čemu su analiza glavnih komponentata (*Principal Component Analysis – PCA*) i klaster analiza najčešće koriste u analizi grupisanja genotipova na osnovu slika i vrednosti agronomskih profila. Multivarijacione tehnike istovremeno analiziraju set podataka sačinjen od merenja više osobina različitih genotipova, smeštaju ih u više-dimenzionalni prostor u kojem je svako obeležje određeno jednom dimenzijom, tako da su genotipovi sa sličnim vrednostima osobine blisko pozicionirani u više-dimenzionalnom prostoru (Franco i sar., 1998).

5.2.4.1. Multivarijaciona analiza agronomskih osobina i genotipova po grupama zrenja

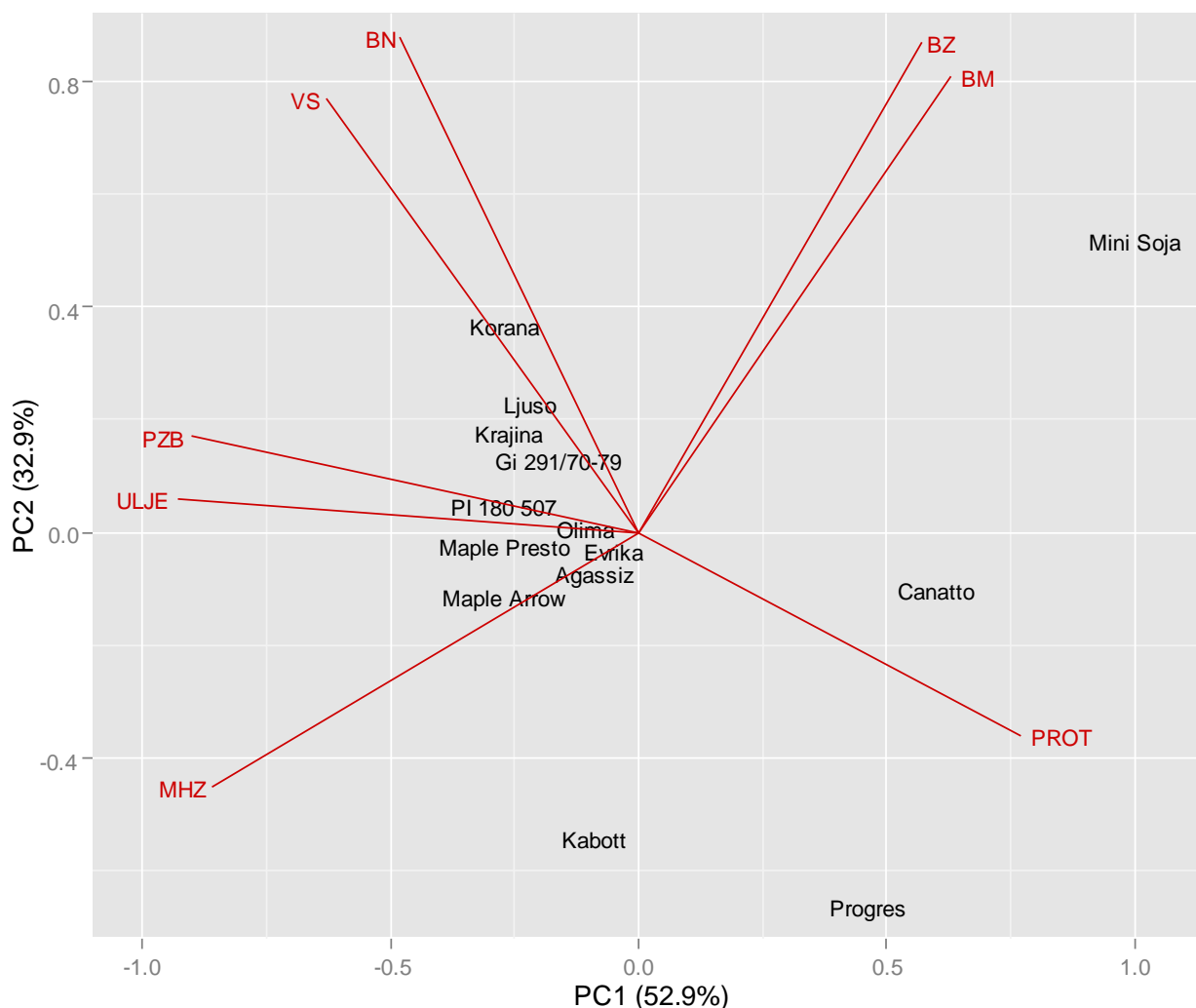
PCA je efikasan metod za redukciju seta podataka kako bi se ukupna varijansa originalnih podataka svela na varijansu manjeg broja nekoreliranih veštačkih varijabli. Metod omogućava vizualizaciju razlika između genotipova i identifikovanje potencijalnih grupa. Redukcija seta podataka postiže se linearnom transformacijom originalnih u novi set nekoreliranih varijabli, koje se nazivaju glavnim komponentama (*principal components-PC*). Prva osa (PC 1) obuhvata najveći deo varijabilnosti sadržane u originalnom setu podataka u odnosu na ostale ose, dok druga osa (PC 2) objašnjava najveći deo varijabilnosti koja nije sadržana u PC 1, i tako dalje (Mohammadi i Prasanna, 2003).

Yan i Rajcan (2002) su predložili set grafičkih biplota koji povećavaju interpretativnu moć klasičnog PCA biplota, daju i mogućnost procene genotipova na osnovu velikog broja osobina i olakšavaju i identifikaciju genotipova superiornih za osobine od interesa za selekciju. Biplot izdvaja specifične profile genotipova u odnosu na posmatrane osobine, pri čemu genotipovi locirani daleko od koordinatnog početka zaslužuju pažnju kao nosioci ekstremnih vrednosti (Yan i Fregeau-Reid, 2008), iako u oplemenjivačkom smislu, ne moraju biti i superiorni. Srednja vrednost genotipa za datu osobinu je bolja ukoliko je ugao između vektora genotipa i vektora osobine manji od 90° , lošija ako je ugao veći od 90° i blizu proseka ako je ugao 90° . Biplot prikazuje i međuzavisnost osobina kroz različite genotipove. Ako vektori dve osobine zaklapaju ugao od 180° , osobine su zavisne ali u suprotnom smeru; ukoliko je ugao 0° , dve osobine su zavisne u istom smeru a ukoliko je ugao 90° između osobina nema korelacije.

Biplot se često koristi prilikom odabira roditeljskih parova za ukrštanje kod različitih biljnih vrsta (Yan i Rajcan, 2002; Samonte i sar., 2013; Yan i Fregeau-Reid, 2008), za vizualizaciju odnosa među osobinama i identifikaciju osobina koje su važne u indirektnoj selekciji na neko svojstvo (Yan i Tinker, 2006), i analiziranje efekata različitih sredina na relacije između osobina (Mohamadi i Amri, 2011). Korelacije između osobina su detaljno analizirane u prethodnom poglavlju, tako da je biplot poslužio u svrhu utvrđivanja modela grupisanja genotipova na osnovu vrednosti agronomskih osobina te za upoređivanje i identifikaciju genotipova superiornih za veliki broj agronomskih osobina.

Grupa zrenja 00

PC biplot genotipova soje GZ 00 objasnio je veliki deo (85,8%) varijanse standardizovanih podataka (grafikon 17). Korelacije između osobina prikazane biplotom bile su u saglasnosti sa *Pearson*-ovim koeficijentima korelacije (grafikon 11), kako po smerovima vektora (predznak korelacije), tako i po uglovima između vektora (jačina korelacije).



Grafikon 17: PC biplot 14 genotipova soje GZ 00 na osnovu 8 agronomskih osobina (VS-visina stabla; BN-broj nodusa, BM-broj mahuna; BZ-broj zrna; MHZ-masa 1000 zrna; PZB-prinos zrna po biljci; ULJE-sadržaj ulja u zrnu; PROT-sadržaj proteina u zrnu).

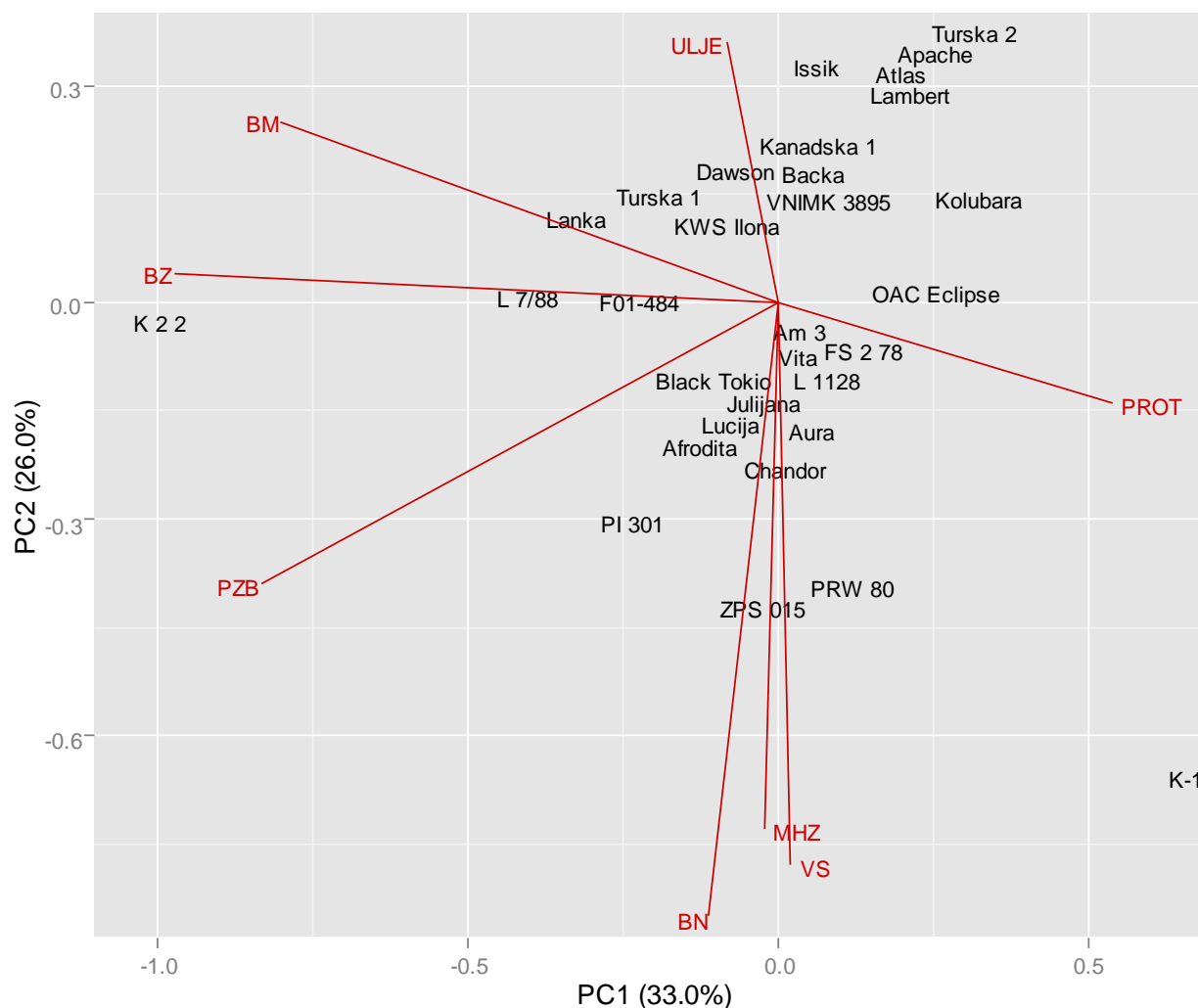
Genotipovi Korana, Ljuso i Krajina imali su najveći prinos zrna po biljci zahvaljujući i znatno većem broju mahuna i zrna od proseka grupe, i umereno visokoj vrednosti mase 1000 zrna. Genotip Krajina bio je istovremeno i intermedijaran po sadržaju proteina, pa se ovaj genotip može koristiti za oplemenjivanje na prinos, uz istovremeno održanje sadržaja proteina na zadovoljavajućem nivou. Genotip Mini Soja formirao je najveći broj mahuna i zrna po biljci ali se zbog izuzetno niske mase 1000 zrna svrstao među genotipove najnižeg prinosa. Genotipovi Mini Soja, Progres i Canatto izdvojili su se po visokom sadržaju proteina, istovremeno poseduju i najmanji sadržaj ulja i najniži prinos zrna po biljci. Genotip Kabott ostvario je najveću masu

1000 zrna, sadržaj proteina iznad proseka grupe dok je po prinosu zrna bio intermedijaran, pa predstavlja potencijalni izvor germplazme za oplemenjivanje na veliku zrna i povećan sadržaj proteina uz održanje prinosa u okviru proseka genotipova veoma rane vegetacije.

Grupa zrenja 0

PC biplot genotipova soje GZ 0 prikazan na grafikonu 18 objasnio je 59,0% varijanse standardizovanih podataka. Korelacije između osobina prikazane biplotom bile su u saglasnosti sa *Pearson*-ovim koeficijentima korelacije (grafikon 12). Većina genotipova je bila intermedijarna za veliku i broj posmatranih osobina, grupišu i se u blizini koordinatnog početka biplota.

U okviru GZ 0 uočava se grupisanje genotipova niske mase 1000 zrna, visokog sadržaja ulja i sadržaja proteina iznad proseka (Turska 2, Apache, Atlas i Lambert), koji mogu biti od značaja za oplemenjivanje na istovremeno povećanje obe komponente, najčešće negativno korelisane. Genotip sa najvećim sadržajem proteina u zrnu (K-1) imao je i najveću masu 1000 zrna, ali je ostvario i niži prinos zrna po biljci i niži sadržaj ulja u odnosu na prosek grupe, pa bi se ovaj genotip mogao koristiti za oplemenjivanje na veliku zrna i sadržaj proteina ali ne i prinos zrna. Genotip K 2 2 formirao je najveći broj mahuna i zrna po biljci, dok je za masu 1000 zrna bio intermedijaran, pa je ostvario i najveći prinos zrna po biljci. Obzirom da genotipovi sa velikim brojem mahuna i zrna najčešće formiraju i sitno zrno, što u rezultatu ima održavanje prinosa na prosečnom nivou, ovaj genotip predstavlja značajan izvor gena za poboljšanje prinosa istovremenom selekcijom na više komponenti koje su najčešće negativno korelisane.



Grafikon 18: PC biplot 31 genotipa soje GZ 0 na osnovu 8 agronomskih osobina (VS-visina stabla; BN-broj nodusa, BM-broj mahuna; BZ-broj zrna; MHZ-masa 1000 zrna; PZB-prinos zrna po biljci; ULJE-sadržaj ulja u zrnju; PROT-sadržaj proteina u zrnju).

Genotip Lanka je imao značajno veći broj mahuna, broj zrna i masu 1000 zrna u odnosu na prosek, i ostvario visok prinos zrna po biljci, dok je po sadržaju proteina bio intermedijsan, pa se može smatrati korisnim donorom germplazme za oplemenjivanje na prinos zrna preko tri najvažnije komponente, bez veće redukcije u sadržaju proteina.

Genotipovi ZPS 015 i PRW 80 su se izdvojili od ostalih višim stablom, većim brojem nodusa, kao i većim masom 1000 zrna, dok su za broj mahuna i broj zrna bili intermedijsni, ostvarivši prinos zrna blizu proseka grupe. Genotip PI 301 ostvario je visok prinos zrna po biljci, formirajući i veliki broj krupnijih zrna po biljci, dok je za broj

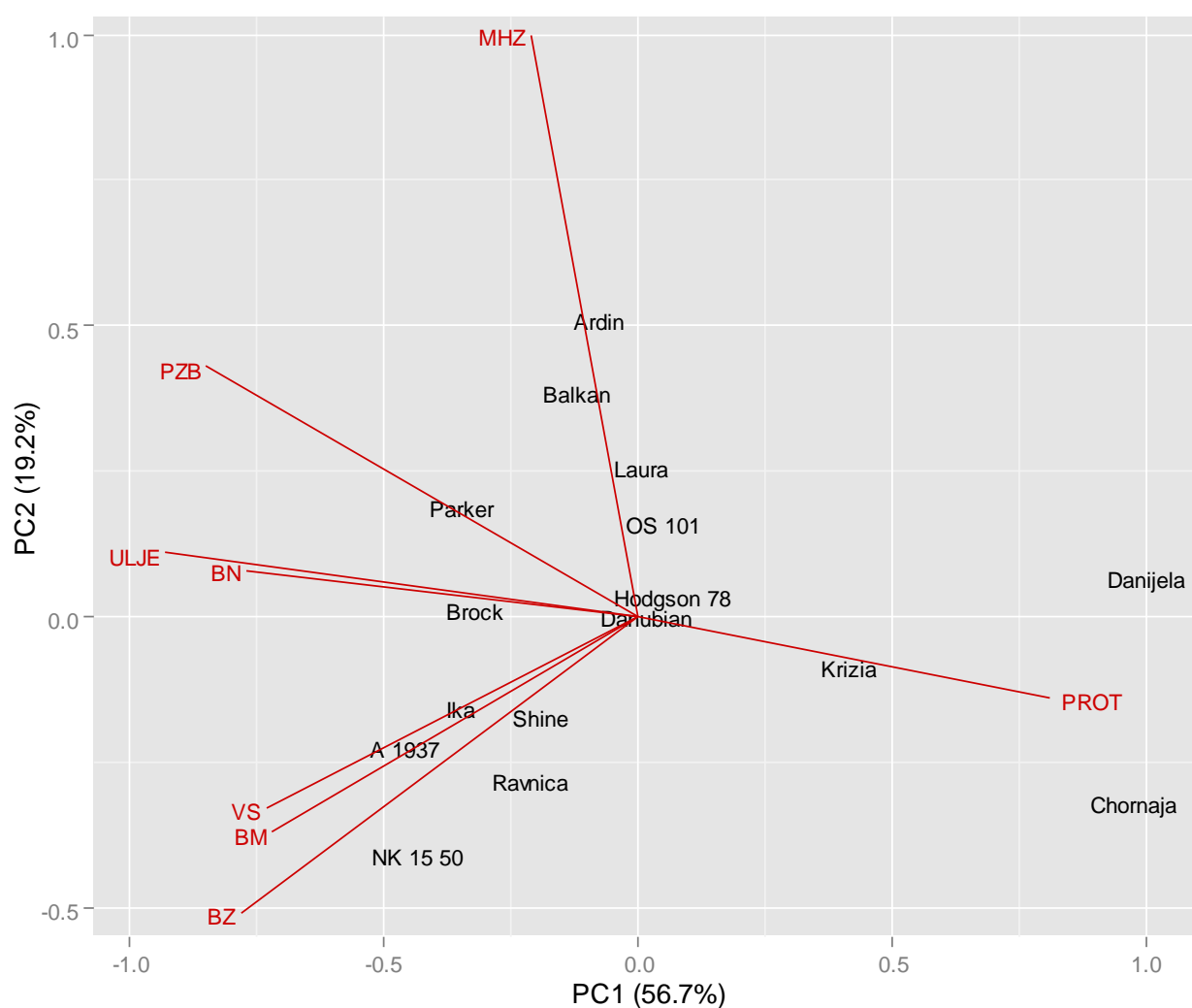
mahunu bio intermedijaran, te se može smatrati potencijalno korisnim u oplemenjivanju na prinos zrna preko komponenti prinosa. Ostali genotipovi u grupi imali su uglavnom intermedijarne vrednosti za sve posmatrane osobine.

Grupa zrenja I

PC biplot genotipova soje GZ I prikazan na grafikonu 19 objasnio je 75,9% varijanse standardizovanih podataka. Korelacije izme u osobina prikazane biplotom bile su u saglasnosti sa *Pearson*-ovim koeficijentima korelacije (grafikon 13).

Genotipovi intermedijarni za ve inu osobina (Hodgson 78 i Danubian) pozicionirali su se u neposrednoj blizini koordinatnog po etka. Genotipovi Balkan i Ardin izdvojili su se najve om masom 1000 zrna. Genotip Balkan je formirao ve i broj mahuna i broj zrna po biljci u odnosu na prosek grupe, ostvarivši i najve i prinos zrna po biljci. Visok prinos ovog genotipa je i o ekivan obzirom da se radi o doma oj sorti koja se kod nas do 2013. godine koristila kao standard prilikom izvo enja ogleda za priznavanje novih sorti u grupi zrenja I. Genotipovi Brock i Parker svrstali su se me u najprinosnije genotipove, formiraju i i ve i broj mahuna kao i ve u masu 1000 zrna u odnosu na prosek, dok su za broj zrna bili uglavnom intermedijarni. Po prinosu se izdvojio i genotip Laura, koji je formirao ve i broj i masu 1000 zrna u odnosu na prosek grupe, dok je za broj mahuna i zrna po biljci bio intermedijaran. Svi navedeni genotipovi bili su intermedijarni za sadržaj proteina i sintetisali su visok sadržaj ulja. Sorta Laura, koja je uz visok prinos imala i sadržaj proteina ve i od prose nog, predstavlja mogu i izvor germplazme za istovremeno poboljšanje obe osobine. Genotipovi Ika, Shine, A 1937, Ravnica i NK 15 50 formirali su veoma visok broj zrna po biljci, i visok broj mahuna, ali su po masi 1000 zrna bili ispod proseka grupe, pa su i za prinos zrna bili uglavnom intermedijarni ili malo iznad proseka, kao i za sadržaj ulja.

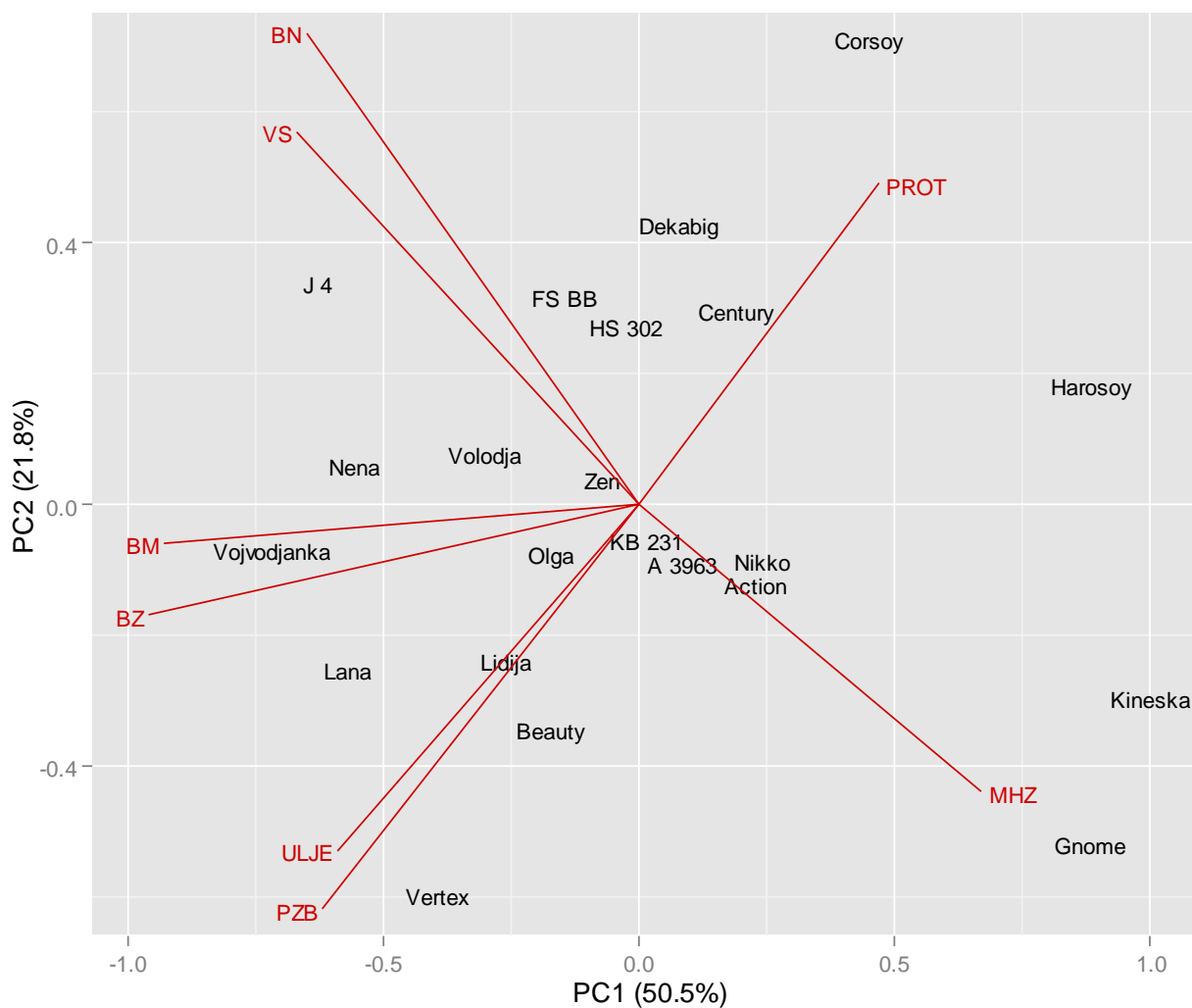
Genotipovi Chornaja, Danijela i Krizia imali su sadržaj proteina zna ajno iznad proseka, ali i najmanji prinos zrna i najniži sadržaj ulja, pa nisu od zna aja za selekciju na istovremeno poboljšanje više osobina, ali mogu imati primenu u oplemenjivanju na poboljšan sadržaj proteina u zrnu.



Grafikon 19: PC biplot 16 genotipova soje GZ I na osnovu 8 agronomskih osobina (VS-visina stabla; BN-broj nodusa, BM-broj mahuna; BZ-broj zrna; MHZ-masa 1000 zrna; PZB-prinos zrna po biljci; ULJE-sadržaj ulja u zrnu; PROT-sadržaj proteina u zrnu).

Grupa zrenja II

PC biplot genotipova soje GZ II prikazan na grafikonu 20 objasnio je 72,3% varijanse standardizovanih podataka. Korelacije izme u osobina prikazane biplotom bile su u saglasnosti sa *Pearson*-ovim koeficijentima korelacije (grafikon 14).



Grafikon 20: PC biplot 22 genotipa soje GZ II na osnovu 8 agronomskih osobina (VS-visina stabla; BN-broj nodusa, BM-broj mahuna; BZ-broj zrna; MHZ-masa 1000 zrna; PZB-prinos zrna po biljci; ULJE-sadržaj ulja u zrnu; PROT-sadržaj proteina u zrnu).

Brojem nodusa i mahuna izdvojio se genotip J 4, koji je istovremeno imao i visok broj zrna po biljci. Genotipovi Lana, Lidija i Beauty ostvarili su najveći i sadržaj ulja u zrnu. Lana i Lidija imale su i značajno veći prinos zrna u odnosu na prosek grupe, formiraju i visok broj mahuna i zrna, dok su za masu 1000 zrna bile intermedijarne. Po prinosu zrna, istakao se genotip Vertex, poseduju i istovremeno i veoma visok broj mahuna i zrna po biljci, i visoku masu 1000 zrna, pa bi se ovaj genotip mogao koristiti u selekciji na prinos preko ove tri komponente, koje su često negativno korelisane.

Genotip Vojvodjanka je, uprkos najnižoj masi 1000 zrna, formirao prinos znatno veći od proseka grupe, zahvaljujući visokom broju mahuna i zrna po biljci, što je i

o ekivano s obzirom da je ovaj genotip standard u ogledima za piznavanje sorti GZ II. Kod sorte Nena, uticaj veoma niske mase 1000 zrna kompenzovan je velikim brojem mahuna i zrna po biljci, tako da se navedena sorta svrstala me u najprinosnije u grupi.

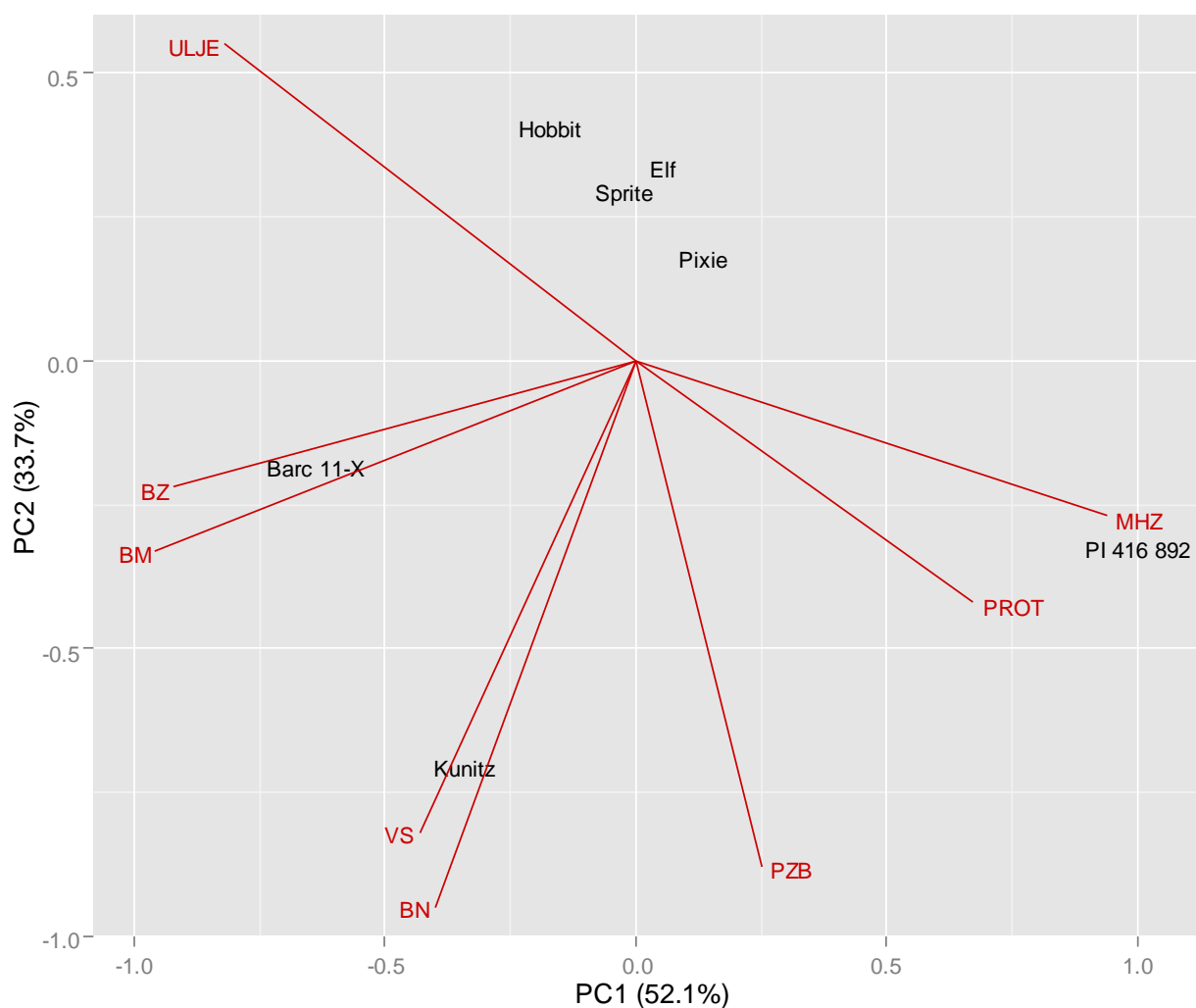
Sadržaj proteina genotipova Kineska, Gnome i Harosoy bio je ve i u odnosu na prosek grupe, pri emu su genotipovi Gnome i Harosoy imali masu 1000 zrna iznad proseka grupe, a genotip Kineska intermedijaran prinos, pa se ovi genotipovi mogu korisiti u oplemenjivanju na sadržaj proteina bez ve e redukcije prinosa (Kineska), odnosno mase 1000 zrna (Gnome i Harosoy). Genotipovi FS BB, HS 302, Century i Dekabig imali su sadržaj proteina iznad proseka, ali istovremeno i nizak prinos zrna i sadržaj ulja. Genotipovi Volo a, Olga, Zen, KB 231, A 3963, Nikko i Action bili su uglavnom intermedijarni za najve i broj posmatranih osobina. Genotip od najmanjeg zna aja za selekciju bio je Corsoy, sa ve inom osobina ispod prose nih vrednosti grupe.

Grupa zrenja III

PC biplot genotipova soje GZ III prikazan na grafikonu 21 objasnio je 85,8% varijanse standardizovanih podataka, što je, u pore enju sa biplotima prethodnih grupa zrenja, predstavljalo najve u vrednost. Korelacije izme u osobina prikazane biplotom bile su u saglasnosti sa *Pearson*-ovim koeficijentima korelacije (grafikon 15).

Ve ina genotipova grupe zrenja III predstavlja genotipove specifi ne morfologije (polupatuljasti genotipovi determinantnog ili fascijatnog tipa porasta stabla), me u kojima se pojedini odlikuju manjim (Elf, Hobbit, Sprite, Pixie, Barc 11-X) ili ve im (PI 416 892) procentom egzotične germplazme u svojoj genetici osnovi.

Genotip Kunitz imao je najve u visinu stabla i najve i broj nodusa, kao jedini genotip indeterminantnog tipa porasta u grupi. Ovaj genotip ostvario je ve i od proseka prinos zrna, zahvaljuju i visokim vrednostima ve eg broja komponenti prinosa. Najve im brojem mahuna i zrna po biljci istakao se genotip Barc 11-X, koji je uprkos najnižoj masi 1000 zrna ostvario prinos iznad proseka grupe, uz istovremeno posedovanje i visokog sadržaja ulja. Ovaj genotip predstavlja zna ajan izvor za oplemenjivanje na pove an prinos zrna preko broja mahuna i broja zrna, jer su ove komponente na prinos imale verovatno ja i direktan uticaj nego što je njihov indirektan uticaj preko veličine zrna.



Grafikon 21: PC biplot 7 genotipova soje GZ III na osnovu 8 agronomskih osobina (VS-visina stabla; BN-broj nodusa, BM-broj mahuna; BZ-broj zrna; MHZ-masa 1000 zrna; PZB-prinos zrna po biljci; ULJE-sadržaj ulja u zrnu; PROT-sadržaj proteina u zrnu).

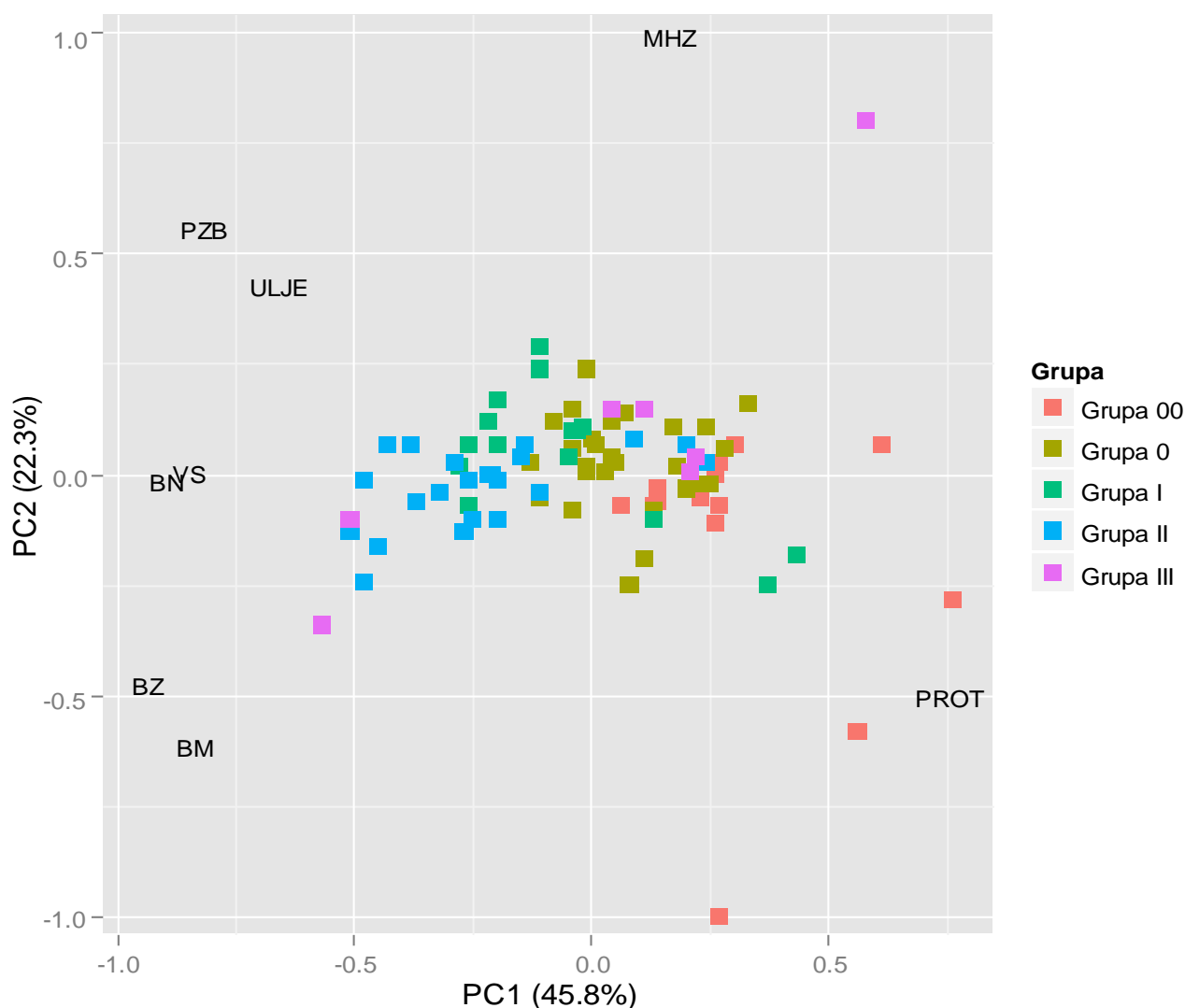
Genotip PI 416 892 ostvario je najveći prinos zrna po biljci, najveći sadržaj proteina i najveću masu 1000 zrna. Iako je pretpostavka da ovaj genotip, obzirom na egzotično porijeklo, ima slabu adaptivnu vrednost, evidentan je njegov značaj za oplemenjivanje na prinos zrna i sadržaj proteina. Genotipovi Hobbit, Sprite, Elf i Pixie vode porijeklo iz istog ukrštanja, pa je njihovo blisko grupisanje na osnovu agronomskih osobina bilo i očekivano. Svi osim genotipa Pixie imali su visok sadržaj ulja, dok su za ostale osobine bili uglavnom intermedijarni. Genotipovi grupe zrenja III su pokazali da je i u okviru genotipova specifične morfologije i izvesnog procenta egzotične germplazme moguće identifikovati one sa agronomski poželjnim osobinama.

5.2.4.2. Multivarijaciona analiza agronomskih osobina i genotipova svih grupa zrenja

Distribucija 90 genotipova soje na osnovu analize glavnih komponenti agronomski značajnih osobina prikazana je na grafikonu 22. Prvom i drugom osom obuhvaćeno je ukupno 68,1% fenotipske varijabilnosti sadržane u originalnom setu podataka. U istraživanju koje su sproveli Iqbal i sar. (2008) i Kumar i sar. (2015) primenom iste analize, procenat varijabilnosti obuhvaćena sa prve dve PC ose bio je manji, dok su Peri i sar. (2014) dobili veći u proporciju varijabilnosti sadržanu u prve dve ose.

Iako su se genotipovi uglavnom grupisali u većoj ili manjoj blizini koordinatnog početka, primećuje se da je PC 1 osa jasno razdvojila genotipove prema pripadnosti grupi zrenja, premda dužina vegetacije nije bila uključena u analizu. Osobine koje su najviše pozitivno korelisane sa dužinom vegetacije (visina stabla, broj nodusa, broj mahuna, broj zrna, prinos zrna i sadržaj ulja) uticale su na razdvajanje genotipova duž PC 1 ose. U donjem levom kvadrantu pojavila se grupisanje genotipova kasnije vegetacije (GZ II), u gornjem desnom grupisanje genotipova srednje rane vegetacije (GZ I), dok su rani genotipovi (GZ 0) bili raspoređeni oko koordinatnog početka, a veoma rani (GZ 00) pretežno u donjem desnom kvadrantu (grafikon 22).

Konsultujući literaturu, može se zaključiti da multivarijacione analize u proučavanju diverziteta genotipova soje na osnovu agronomski značajnih osobina uglavnom utvrđuju isti obrazac grupisanja - grupisanje prema dužini vegetacije (Cui i sar., 2001; Iqbal i sar., 2008; Peri i sar., 2014; Malik, 2011; Kumar i sar., 2015). Potrebno je naglasiti da većina navedenih studija uglavnom u analizu uključuje i broj dana do sazrevanja, pa je dobijeni model grupisanja u navedenim istraživanjima donekle i otežavan. Rezultati ovog istraživanja, u kome dužina vegetacije nije bila uključena u analizu, najbolje potvrđuju da razlike u grupi zrenja predstavljaju efikasan indikator fenotipskog diverziteta, obzirom da grupa zrenja, odnosno fotoperiodska reakcija određuje sve faze razvoja biljke soje (Vratari i Sudari, 2008). Dužina trajanja vegetativne i reproduktivne faze određuje produkciju ukupne biomase i formiranje komponenti prinosa (Rao i sar., 2002; Machikowa i sar., 2005), pa su razlike u dužini vegetacije između sorti povezane sa razlikama u vrednostima formiranih komponenti prinosa, i u krajnjem rezultatu i prinosa (Voldeng i sar., 1997).



Grafikon 22: Biplot 90 genotipova soje GZ 00-III na osnovu PCA analize agronomskih osobina (VS-visina stabla; BN-broj nodusa, BM-broj mahuna; BZ-broj zrna; MHZ-masa 1000 zrna; PZB-prinos zrna po biljci; ULJE-sadržaj ulja u zrnju; PROT-sadržaj proteina u zrnju).

Masa 1000 zrna diskriminisala je genotipove po drugoj osi. Najveći broj genotipova imao je vrednost ove osobine blisku prosejnoj, mada se u pojedinim grupama uočava prisustvo ekstremno sitnog i krupnog zrna. U okviru GZ III izdvajaju se ekstremno veoma sitnog zrna, najčešće superiorni za broj mahuna i zrna po biljci, i ekstremno veoma krupnog zrna i visokog sadržaja proteina. U okviru GZ 00, uočavaju se tri genotipa sitnog zrna i visokog sadržaja proteina. U okviru GZ I, prisutna su dva

genotipa krupnog zrna i visokog sadržaja ulja i dva genotipa sitnog zrna i visokog sadržaja proteina. U GZ 0 prime uju se dva genotipa sitnog zrna i pove anog sadržaja proteina. U okviru GZ II, dva genotipa veoma sitnog zrna imala su i visok broj mahuna i zrna po biljci.

Genotipovi su se po sadržaju proteina razdvojili najve im delom duž PC 1 ose, pri emu su genotipovi najkra e vegetacije (GZ 00) imali najve i sadržaj proteina i najve i broj ekstrema (4 genotipa) visokog sadržaja proteina.

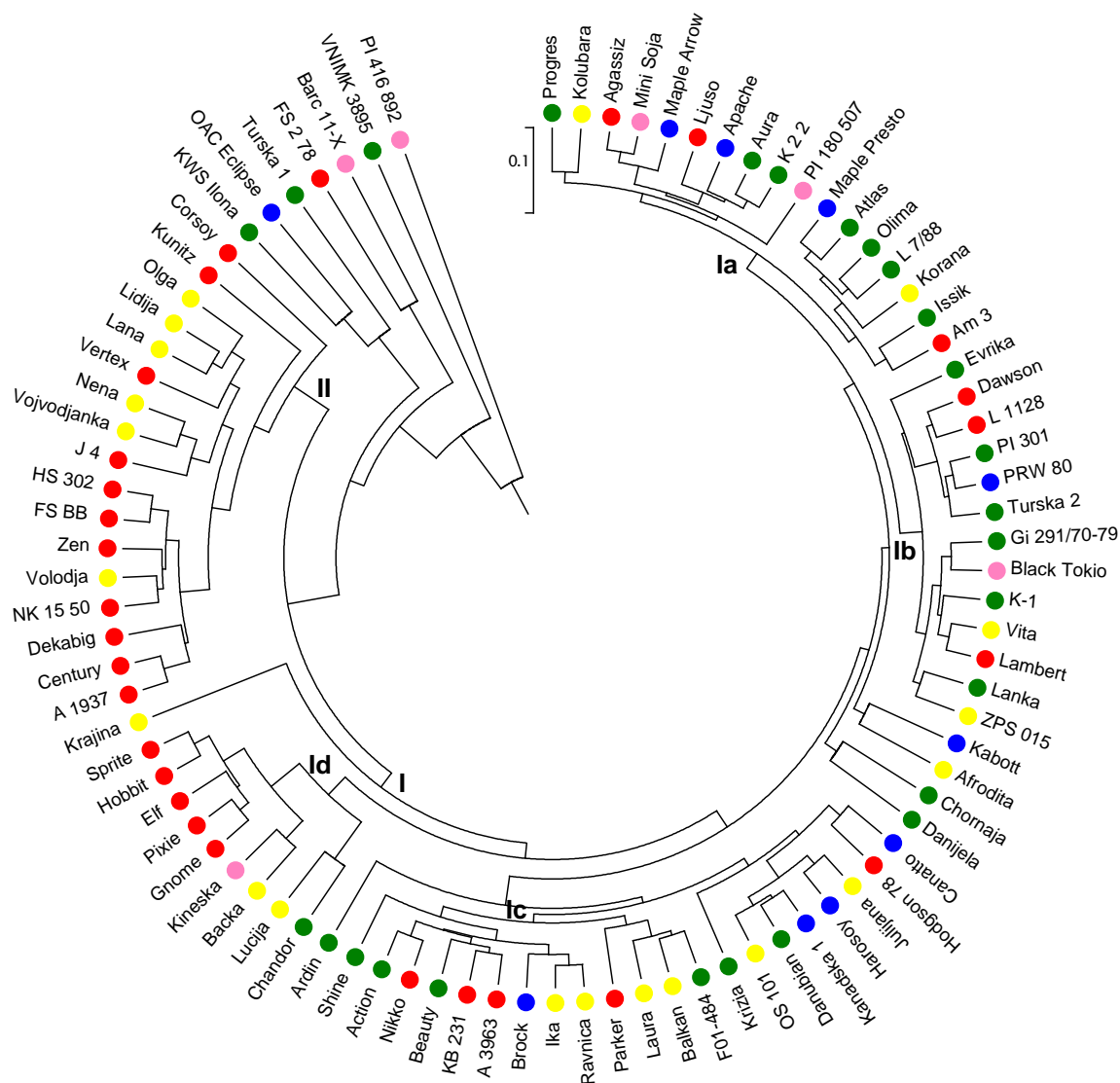
Prinos zrna, sadržaj ulja i najvažnije komponente prinosa diskriminisali su genotipove duž PC1 ose, pa se, generalno posmatrano, na levoj strani grafikona nalaze genotipovi visokog prinosa i visokog sadržaja ulja (GZ I i II), a na desnoj genotipovi visokog sadržaja proteina i niskog prinosa zrna (GZ 00 i 0). Genotipovi GZ III pokazali su slabu konzistenciju grupisanja, raspore uju i se me u genotipove ostalih grupa zrenja (GZ II, GZ 0 i GZ 00).

5.2.4.3. Klaster analiza

Za sagledavanje geneti ke udaljenosti 90 genotipova soje na osnovu 8 agronomski zna ajnih osobina, za parove genotipova izra unate su Euklidske udaljenosti, prikazane u prilogu 4. Najmanja Euklidska udaljenost utvr ena je za par genotipova Agassiz-Mini Soja (0,043) a najve a za par VNIMK 4895-PI 416 892 (1,200). Izra unate Euklidske udaljenosti su normalizovane (svedene na opseg od 0 do 1) radi izra unavanja prose ne vrednosti distance i njenog pore enja sa distancama dobijenim na osnovu SSR markera i morfoloških deskriptora. Prose na vrednost Euklidske udaljenosti posmatranih parova iznosila je 0,244, indikuju i slabu divergentnost genotipova u pogledu agronomskih osobina. Sli nu vrednost prose ne distance na osnovu kvantitativnih fenotipskih svojstava (0,321) referišu i Cui i sar. (2001), dok Peri i sar. (2014) navode ve u vrednost distance procenjene na osnovu agronomskih osobina (0,480).

Dendrogram nehijerarhijske klaster analize prema UPGMA metodi na osnovu vrednosti Euklidskih udaljenosti izme u parova genotipova prikazan je na slici 2. U strukturi dendrograma ne može se uo iti pravilnost u grupisanju genotipova u klastere prema geografskom poreklu. Ve ina grupa dobijenih klaster analizom sastoji se od predstavnika svih geografskih regiona. Izuzetak ini klaster II u kojem su grupisani

samo ameri ki (11) i doma i (6) genotipovi, kao i klaster Id sa pretežno ameri kim genotipovima.



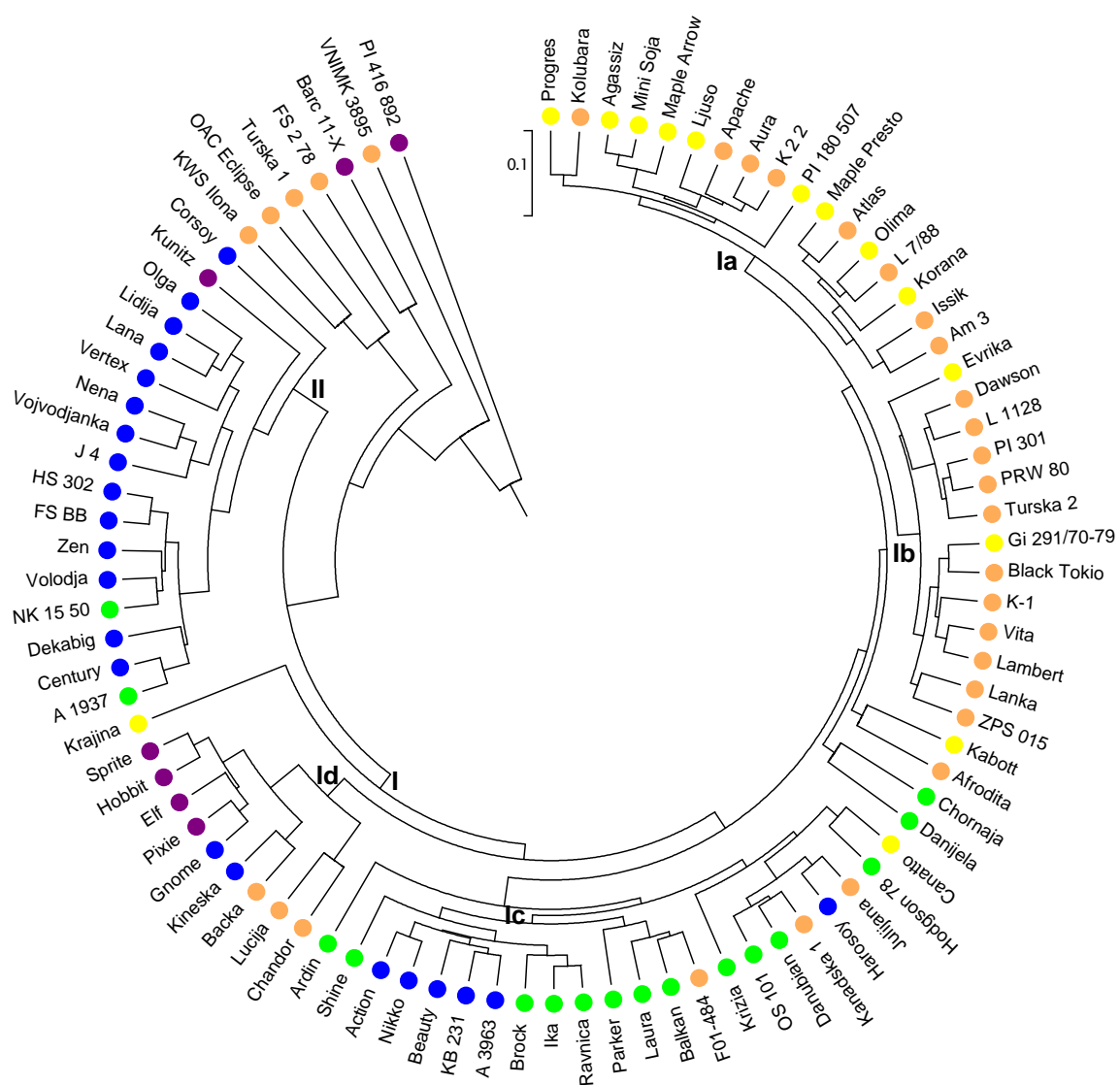
Slika 2. Dendrogram UPGMA klaster analize genotipova soje na osnovu 8 agronomskih osobina (oznake genotipova prema geografskom poreklu: žuta – Srbija i Hrvatska, crvena – SAD, zelena – Evropa i Evroazija, plava – Kanada, roza – Kina i Japan)

Teorijski posmatrano, genotipovi iz različitih geografskih regiona bi trebalo da se diferenciraju i prema agronomskim osobinama, što se praktično ispoljava u analizama koje obuhvataju sortiment svih grupa zrenja. Diferencijacija nastaje kao rezultat selekcije na adaptaciju genotipova na agroekološke uslove određene

geografskog područja, prvenstveno na dužinu fotoperioda i temperaturnu sumu (Qiu i sar., 2011; Cui i sar., 2001). Fotoperiodska reakcija određuje sve faze razvoja biljke soje, utiče i na kreiranje specifičnih fenotipskih profila u različitim geografskim regijama. Kada se prethodnom dodaju specifični ciljevi selekcije prisutni u svakom regionu (Shi i sar., 2000), logično je očekivati da agronomski profili sorti reflektuju njihovo geografsko porijeklo, u najvećoj mjeri preko grupe zrenja kao vida adaptacije na region, a potom i preko ciljeva selekcije karakteristika za određeno područje.

Literaturni podaci, međutim, pokazuju da grupisanje genotipova soje na osnovu agronomskih osobina najčešće nije saglasno podacima o geografskom porijeklu, ali pokazuje pravilnost u odnosu na grupu zrenja (Kaga i sar., 2012; Tavaud-Pirra i sar., 2009; Arshad i sar., 2006). U poređivanjem strukture grupisanja dobijene u ovom istraživanju sa podacima o dužini vegetacije (tabela 1), uočava se tendencija grupisanja genotipova iz iste grupe zrenja u iste podklaster. Stoga je u cilju prezentacije ovakvog obrasca grupisanja prikazan i dendrogram sa oznakama genotipova prema pripadnosti grupama zrenja (slika 3).

U strukturi dendrograma uočava se podjela genotipova na dva glavna klastera (I i II), koja odgovara podjeli na rane i srednje rane (klaster I), odnosno kasne sorte (klaster II). U okviru klastera I izdvajaju se 3 subklastera: subklaster Ia koji obuhvata genotipove kratke vegetacije (grupe zrenja 00 i 0), subklaster Ib u kojem preovlađuju genotipovi 0 grupe zrenja, subklaster Ic sačinjen pretežno od genotipova grupe zrenja I, i subklaster Id, koji obuhvata genotipove I, II i III grupe zrenja. Klaster II odlikuje se izrazitom dominacijom genotipova II grupe zrenja, koji u sastavu ove grupe učestvuju sa više od 80%. Imajući u vidu da dužina vegetacije nije bila uključena u analizu, jaka konzistentnost grupisanja na osnovu agronomskih osobina sa podacima o grupi zrenja ukazuje da su razlike u grupi zrenja najbolji indikator fenotipskog diverziteta sorti (Cui i sar., 2001). Grupa zrenja spada u najvažnije faktore koji utiču na prinos zrna (Egli, 1981). Visok prinos rezultat je dužeg perioda nalivanja zrna i pripisuje se varijaciji komponenti koje su povezane sa kasnijim sazrijevanjem ili optimalnim vremenom cvetanja.



Slika 3. Dendrogram UPGMA klaster analize genotipova soje na osnovu 8 agronomskih osobina (oznake genotipova prema grupi zrenja: žuta - grupa zrenja 00, narandžasta - grupa zrenja 0, zelena - grupa zrenja I, plava - grupa zrenja II, ljubiasta - grupa zrenja III)

Izostanak geografskog obrasca varijacije na jednoj strani, i pravilno grupisanje genotipova prema grupi zrenja na drugoj, može se objasniti izborom materijala za analizu. Iako su genotipovi za evaluaciju birani tako da predstavljaju različite geografske regione, morali su istovremeno zadovoljiti i kriterijum prilagodjenosti našim agroekološkim uslovima, što je ograničilo izbor na genotipove iz svega 5 grupa zrenja (00-III). Iako geografski udaljeni, posmatrani regioni ne predstavljaju i ekološki kontrastne sredine, bar prema dužini fotoperioda. Da je bilo moguće uključivanje

genotipova kasnijih grupa zrenja (npr. južno-američkih sorti) u ogled, rezultati bi verovatno bili drugačiji. Sa izuzetkom grupe genotipova iz Kanade, sačinjene samo od sorti grupa zrenja 00 i 0, genotipovi svih ostalih geografskih grupa pokazali su široku varijaciju u pogledu dužine vegetacije, pa razlike između u regiona nisu bile primetne.

Grupisanje genotipova pokazalo je izvesni stepen saglasnosti sa pedigree podacima. Sorte Kunitz, Olga, Lidija, Lana, Vertex i Nena (klaster II), poreklom od američke sorte Williams, svrstale su se blisko na dendrogramu. Polupatuljaste sorte Sprite, Hobbit, Pixie, Elf i Gnome poreklom iz iste kombinacije roditelja, čine homogenu grupu u subklasteru Id. Kod navedenih genotipova, gen za determinantan tip stabla (dt_1dt_1) ima ključni doprinos u kreiranju njihove fenotipske uniformnosti, određuju i visinu biljke, broj nodusa, početak cvetanja i komponente prinosa. Genotipovi Balkan, Parker i F-01 484, blisko grupisani u subklasteru Ic, povezani su preko potomaka sorte Harosoy, a genotip Canatto, pozicioniran u neposrednoj blizini sorte Hodgson 78, predstavlja njegovo indirektno potomstvo. Pojedini parovi genotipova sliče nog pedigree (Ika-OS 101, Vojvanka-Afrodita, OAC Eclipse-Maple Arrow) bili su veoma udaljeni na dendrogramu. Slaba saglasnost između u grupisanja genotipova na osnovu agronomskih svojstava i podataka o pedigreeu rezultat je više faktora: poligene prirode nasleđivanja kvantitativnih svojstava, njihove ekspresije uslovljene faktorima spoljašnje sredine i uticaja veštačke selekcije u kojoj se kroz generacije inbridinga i transgresivnog razdvajanja razvijaju i odabiraju potomstva različitog stepena fenotipske sličnosti u odnosu na roditelje.

5.2.5. Analiza interakcije genotip \times spoljašnja sredina za najvažnije agronomске osobine primenom linearno-bilinearnog AMMI-1 modela

Pod interakcijom genotip \times spoljašnja sredina podrazumeva se nekonzistentna reakcija genotipa na promene u uslovima spoljašnje sredine, tj. nemogućnost genotipa da ostvari isti performans u različitim spoljašnjim sredinama (Baker, 1988). Sa agronomskog stanovišta, procena interakcije važna je radi identifikacije genotipova koji pokazuju stabilnu reakciju u većem broju sredina (posebno onih koji ne pokazuju interakcije sa izmenom ranga), a potom i zbog boljeg iskorišćenja različitih spoljašnjih sredina sa kojima pojedini genotipovi specifično interaguju (Kang, 1998; Annicchiarico, 2002). Sa oplemenjivačkog aspekta, interakcija je otežavajući faktor u

selekciji, jer u eš e interakcijske komponente u ukupnoj varijabilnosti smanjuje heritabilnost osobine, a time i pouzdanost selekcije na bazi glavnih komponenata (Kelly i sar., 1998; Kang, 2004). Interakcija prikriva agronomsku vrednost egzotih materijala (Giaufrett i sar., 2000), koji ima sve ve i zna aj u oplemenjivanju soje, s obzirom na dramati no sužavanje geneti ke osnove usled ukrštanja u okviru elitnih linija. Introdikovana germplazma je uglavnom slabo adaptiran materijal, pa je za uspešnu intogresiju gena u elitne sorte soje potrebno utvrditi stabilnost egzotih izvora (Palomeque i sar., 2009).

Do sada je razvijen veliki broj statisti kih modela za procenu interakcije genotip \times spoljašnja sredina, pri emu kod soje AMMI i SREG model predstavljaju naj eš e koriš ene linearno-bilinearne modele za utvr ivanje obrasca reakcije genotipa kroz razli ite spoljašnje sredine (Gauch i Zobel, 1998; Yan i Rajcan, 2002).

AMMI metod (*additive main effects and multiplicative interaction* - metod glavnih komponenata i višestruke interakcije) predstavlja kombinaciju dve statisti ke procedure – analize varijanse, kojom se izdvajaju glavni efekti, i metode glavnih komponenata (PCA) koja razlaže višestruku interakciju (Crossa i sar., 1990). U zavisnosti od zna ajnosti glavnih komponenata, razlikuju se dva tipa modela - AMMI-1 i AMMI-2 (Gabriel, 1971). AMMI-1 biplot koristi se samo ako je ve i deo sume kvadrata interakcije obuhva en prvom interakcijskom komponentom (IPC_1). Metod daje mogućnost grafi kog predstavljanja interakcije na biplotu, pri emu su vrednosti glavnih efekata (genotipovi, spoljašnje sredine) predstavljene na apscisi, a vrednosti prve interakcijske ose (IPC_1) na ordinati (Crossa i sar., 1990). AMMI-2 model se koristi ukoliko je manje od 50% varijacije interakcije objašnjeno prvom interakcijskom komponentom, pa se vrednosti IPC_1 ose nanose na apscisu, a vrednosti IPC_2 ose na ordinatu (Kroonenberg, 1995). Gauch i Zobel (1996) su, analiziraju i veliki broj studija u kojima je AMMI model koriš en za sagledavanje interakcije genotipa i spoljašnje sredine, zaklju ili da se u 70% slu ajeva AMMI model sa zna ajnom prvom interakcijskom komponentom pokazao kao najpogodniji, dok se u preostalim slu ajevima izdvojio model sa dve zna ajne komponente. Prema prethodnim autorima AMMI-1 model pruža ve u pouzdanost donesenih zaklju aka u odnosu na AMMI-2, s obzirom da je za opis interakcije dovoljna samo prva komponenta.

Analize stabilnosti prinosa soje se u najvećem broju oplemenjivačkih programa ne izvode rutinski, najviše zbog toga što ne postoji dovoljno velika baza podataka za određeni set linija, potom, zbog dilema u izboru adekvatnog modela, i činjenice da se visok prinos u većem broju lokaliteta uzima kao adekvatan indikator stabilnosti linije (Burton, 1998). U ovom istraživanju, AMMI-1 model primenjen je u cilju identifikacije genotipova iznadprosečne vrednosti osobine i zadovoljavajuće stabilnosti, koji mogu imati potencijalni doprinos u oplemenjivanju, i analize uticaja agroekoloških faktora u pojedinim sredinama na varijabilnost najvažnijih agronomskih osobina.

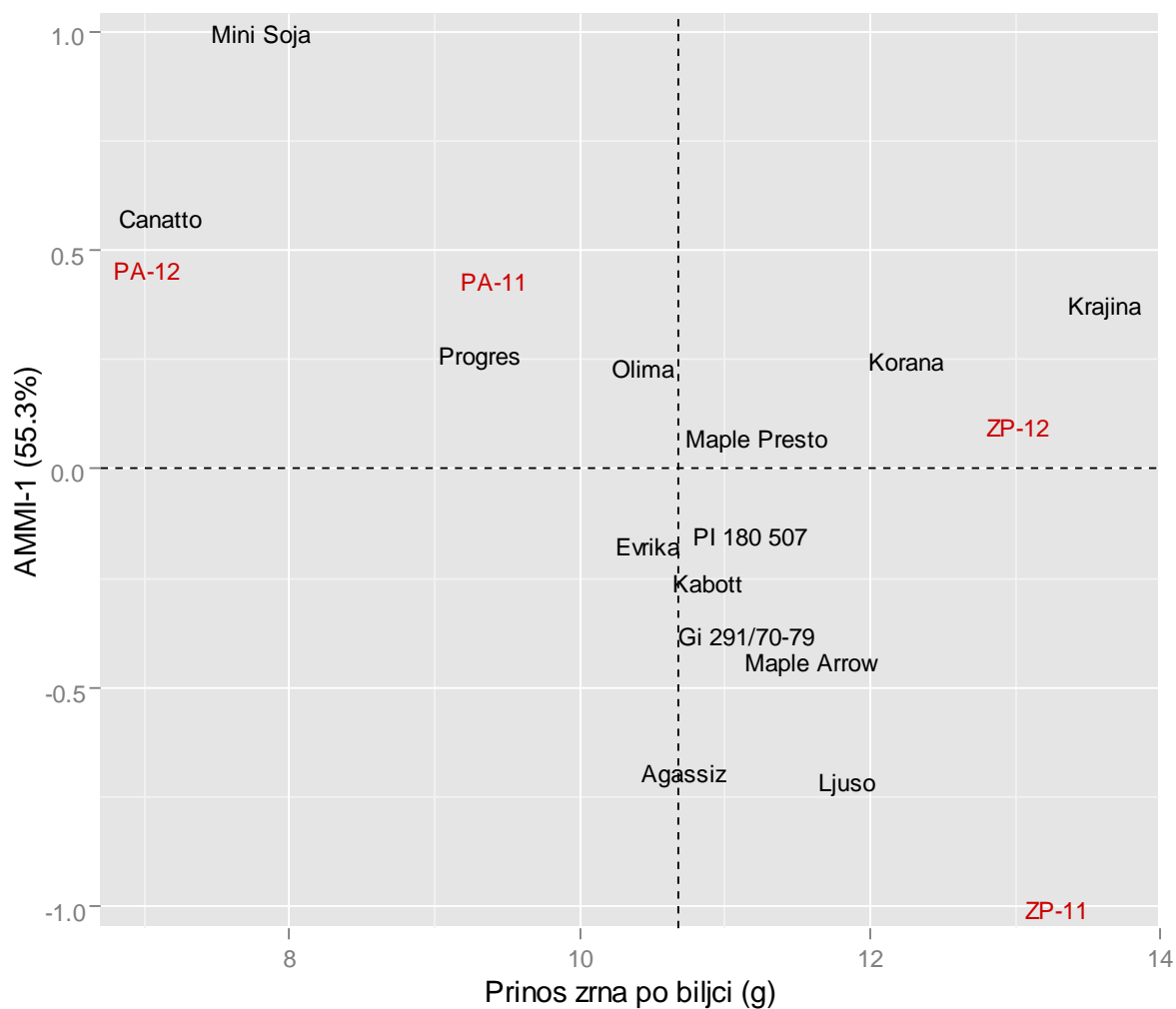
5.2.5.1. Prinos zrna

Grupa zrenja 00

Na osnovu AMMI-1 biplota se uočava da je prvom interakcijskom komponentom objašnjeno 55,3% varijacije interakcije genotipa i spoljašnje sredine za prinos zrna genotipova soje grupe zrenja 00 (grafikon 23).

Glavni efekti sredina PA-11 i PA-12 veoma su se razlikovali od glavnih efekata sredina ZP-11 i ZP-12. Genotipovi ispitivani na lokaciji Pančevo pokazali su različitu reakciju na promene agroekoloških uslova u toku obe godine. Glavni efekti sredina ZP-11 i ZP-12 su se manje razlikovali, pa je prosek grupe za prinos zrna u ove dve sredine bio približno jednak. Interakcijski efekti sredina ZP-11 i ZP-12 su se razlikovali, reflektuju i veliku stabilnost genotipova ispitivanih na lokalitetu Zemun Polje u toku 2012. godine, i značajno veće variranje prinosa u zavisnosti od promena u uslovima spoljašnje sredine kod genotipova ispitivanih na istoj lokaciji u toku 2011. godine. Sredina ZP-11 imala je istovremeno i najveći i doprinos ukupnoj interakciji.

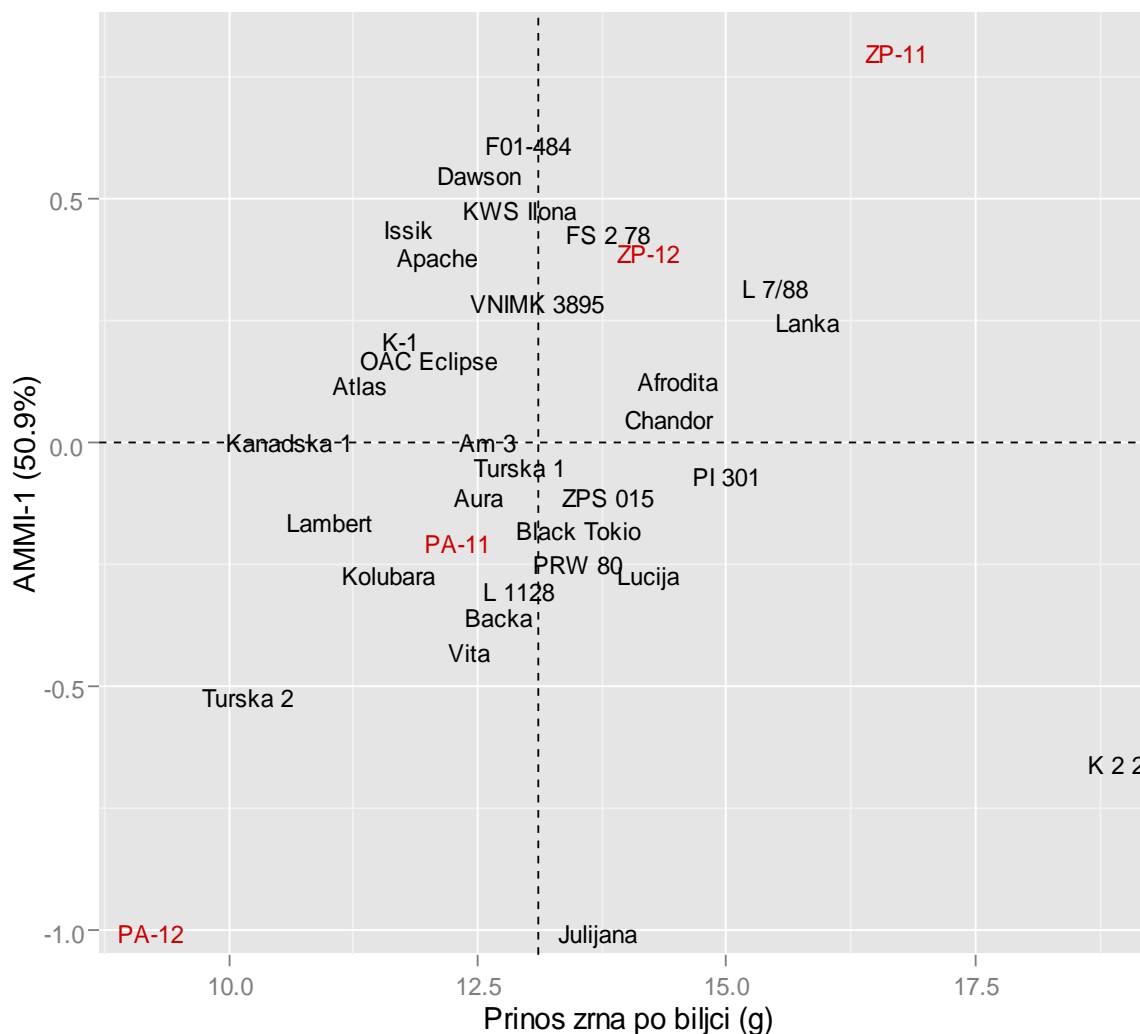
Najveći broj genotipova formirao je prinos zrna sličan opštem proseku, ali su interakcijski efekti ovih genotipova široko varirali, kako po vrednosti tako i po predznaku. Među njima, najstabilniji prinos zrna po biljci utvrđen je kod genotipa Maple Presto, dok su zadovoljavajuću stabilnost pokazali i genotipovi Olima, Evrika, PI 180 507 i Kabott. Sorte Korana i Krajina pokazale su se superiornim u odnosu na ostale genotipove, kako po prinosu tako i po stabilnosti, što je i očekivano s obzirom da se radi o domaćim genotipovima, dobro prilagođenim na naše agroekološke uslove. Najmanju stabilnost prinosa imali su genotipovi Mini Soja i Canatto, pokazujući i visok pozitivan interakcijski efekat, i Agassiz i Ljuso sa visokom negativnom interakcijskom vrednošću.



Grafikon 23: AMMI-1 biplot za prinos zrna po biljci kod genotipova soje GZ 00 (ZP-Zemun Polje, PA-Pan evo, 11 i 12 – godine izvo enja ogleda)

Grupa zrenja 0

Na osnovu grafi kog prikaza interakcije pomo u AMMI-1 biplot grafikona, uo ava se da je prvom glavnom komponentom objašnjeno 50,9% varijacije interakcije za prinos zrna genotipova soje GZ 0 (grafikon 24). Spoljašnje sredine su se me usobno uglavnom razlikovale po prose noj vrednosti prinosa, dok je njihov interakcijski efekat bio razli it, pa su genotipovi ispitivani u Zemun Polju u 2012. godini i u Pan evu u 2011. godini pokazali najve u stabilnost, a genotipovi ispitivani u Zemun Polju 2011. godine i Pan evu 2012. godine imali visoku vrednost interakcijske komponente.



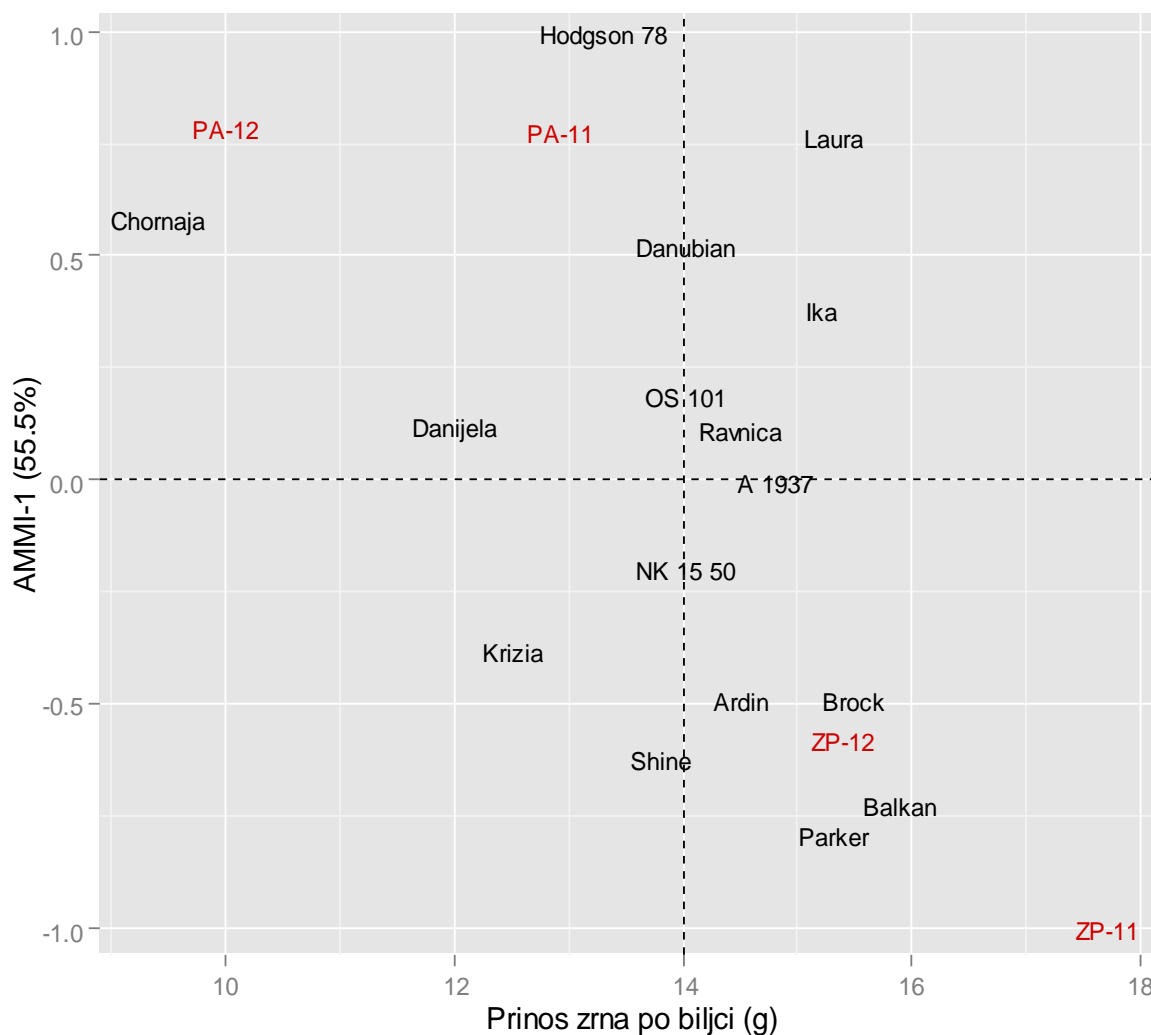
Grafikon 24: AMMI-1 biplot za prinos zrna po biljci genotipova soje GZ 0 (ZP-Zemun Polje, PA-Pan evo, 11 i 12 – godine izvo enja oglada)

Razlike u glavnom efektu genotipova bile su relativno male na šta ukazuje manji stepen disperzije genotipova na biplotu, i grupisanje ve ine genotipova oko opšteg proseka. Genotipovi koncentrisani oko linije stabilnosti (Kanadska 1, Atlas, Am 3, Turska 1, Aura, ZPS 015, Afrodita, Chandor i PI 301) pokazali su najmanje variranje prinosa zrna kroz spoljašnje sredine. Me u njima su, sa oplemenjiva kog aspekta, najzna ajniji oni sa prinosom iznad opšteg proseka koji su ispoljili i manji stepen osetljivosti na promene u uslovima spoljašnje sredine (Afrodita, Chandor i PI 301). Iako su genotipovi L 7/88 i Lanka ostvarili prose an prinos iznad opšteg proseka, visoka vrednost interakcijske komponente ograni ava njihovu upotrebu u oplemenjivanju na prinos zrna jer uti e negativno na stepen naslednosti osobine. Na biplotu se uo ava

izdvajanje genotipa K 2 2, sa vrednoš u prinosa znatno iznad opšteg proseka, ali i visokim doprinosom interakciji, kao i genotipa Julijana, sa prinosom zrna oko opšteg proseka i izuzetno niske stabilnosti.

Grupa zrenja I

Kod genotipova GZ I, AMMI-1 model objasnio je 55,5% sume kvadrata interakcije genotipa i spoljašnje sredine (grafikon 25). etiri spoljašnje sredine su se umereno razlikovale po glavnim efektima na ispitivane genotipove. Najve i interakcijski efekat pokazala je sredina ZP-11, u kojoj su genotipovi ispoljili izrazitu nestabilnost prinosa, dok je najmanji interakcijski skor imala sredina ZP-12, u kojoj su genotipovi uglavnom stabilno reagovali na promene uslova spoljašnje sredine.



Grafikon 25: AMMI-1 biplot za prinos zrna po biljci genotipova soje GZ I (ZP-Zemun Polje, PA-Pan evo, 11 i 12 – godine izvo enja ogleda)

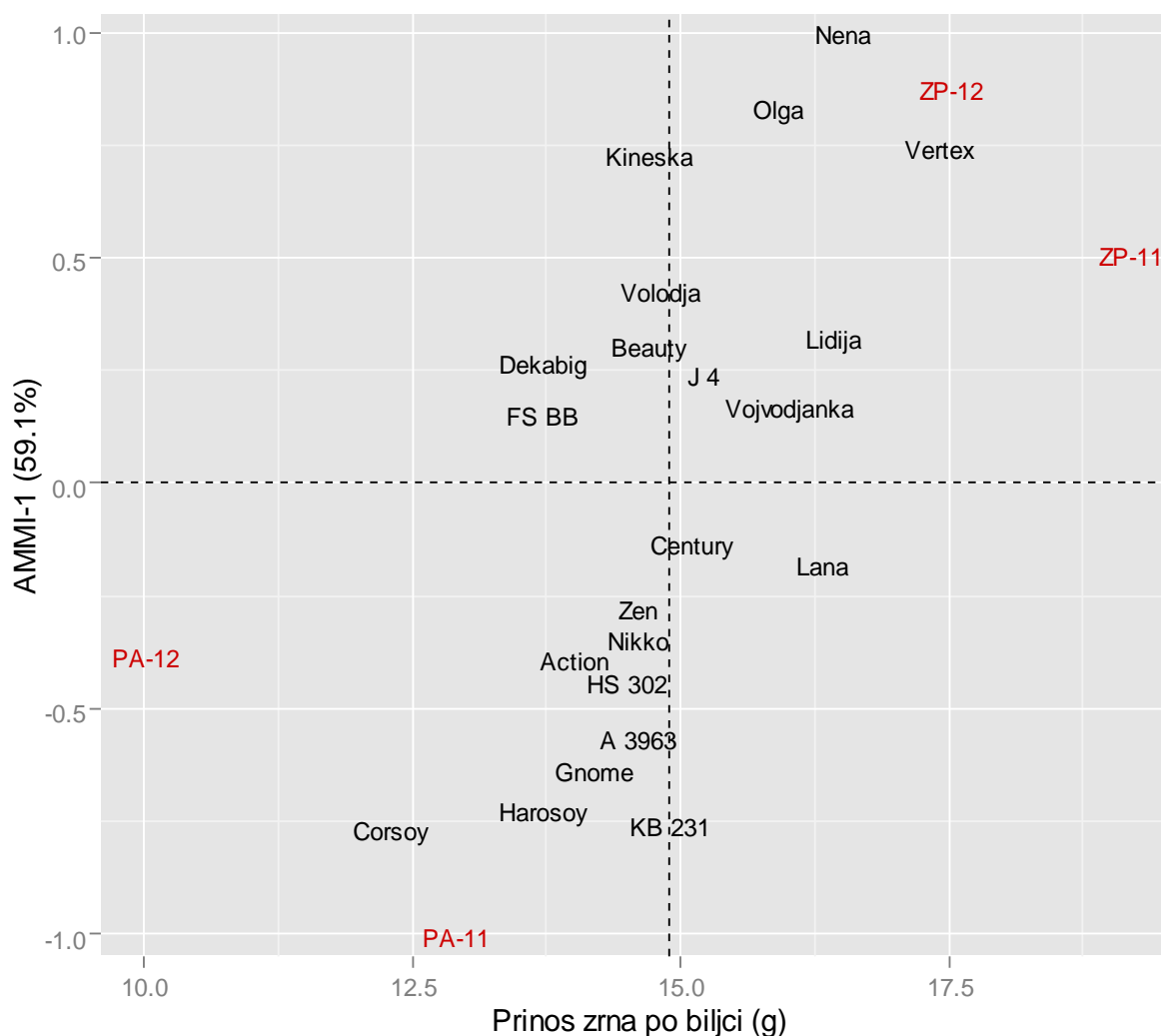
Interakcijska komponenta lokacije Pan evo bila je gotovo identična u obe godine ispitivanja, ukazujući i na jednaku varijaciju genotipova u 2 godine ispitivanja na ovoj lokaciji. Primećuju se razlike u glavnim efektima PA-11 i PA-12, pa su genotipovi ispitivani u Pan evu u toku druge godine ostvarili niži prinos. Genotipovi Danijela, OS 101, Ravnica, A 1937, NK 15 50 karakterišu se stabilnošću u prinosu kroz četiri spoljašnje sredine, među kojima najveći i oplemenjivački značaj imaju genotipovi sa prinosom zrna iznad opšteg proseka (Ravnica i A 1937). Genotipovi Brock, Balkan, Parker, Ika i Laura ostvarili su najveći i prinos zrna u odnosu na opšti prosek, ali su se odlikovali i velikom nestabilnošću u prinosu.

Grupa zrenja II

AMMI-1 model objasnio je 59,1% varijacije sume kvadrata interakcije genotipa i spoljašnje sredine za prinos zrna genotipova soje gupe zrenja II (grafikon 26). Spoljašnje sredine su se međusobno razlikovale u glavnim efektima i interakcijskom skoru. Najmanju stabilnost prinosa imali su genotipovi ispitivani na lokaciji Zemun Polje u toku 2012. i genotipovi ispitivani u Pan evu u toku 2011. godine, a najveći u genotipovi ispitivani u Pan evu 2012. godine.

Ako se izuzmu genotipovi ispodproseknog (Dekabig, FS BB, Harosoy, Corsoy) i iznadproseknog prinosa (Nena, Vertex, Olga, Lidija, Vojvođanka i Lana) zaključuje se da su glavni efekti genotipa imali uglavnom slične vrednosti, blizu opšteg proseka.

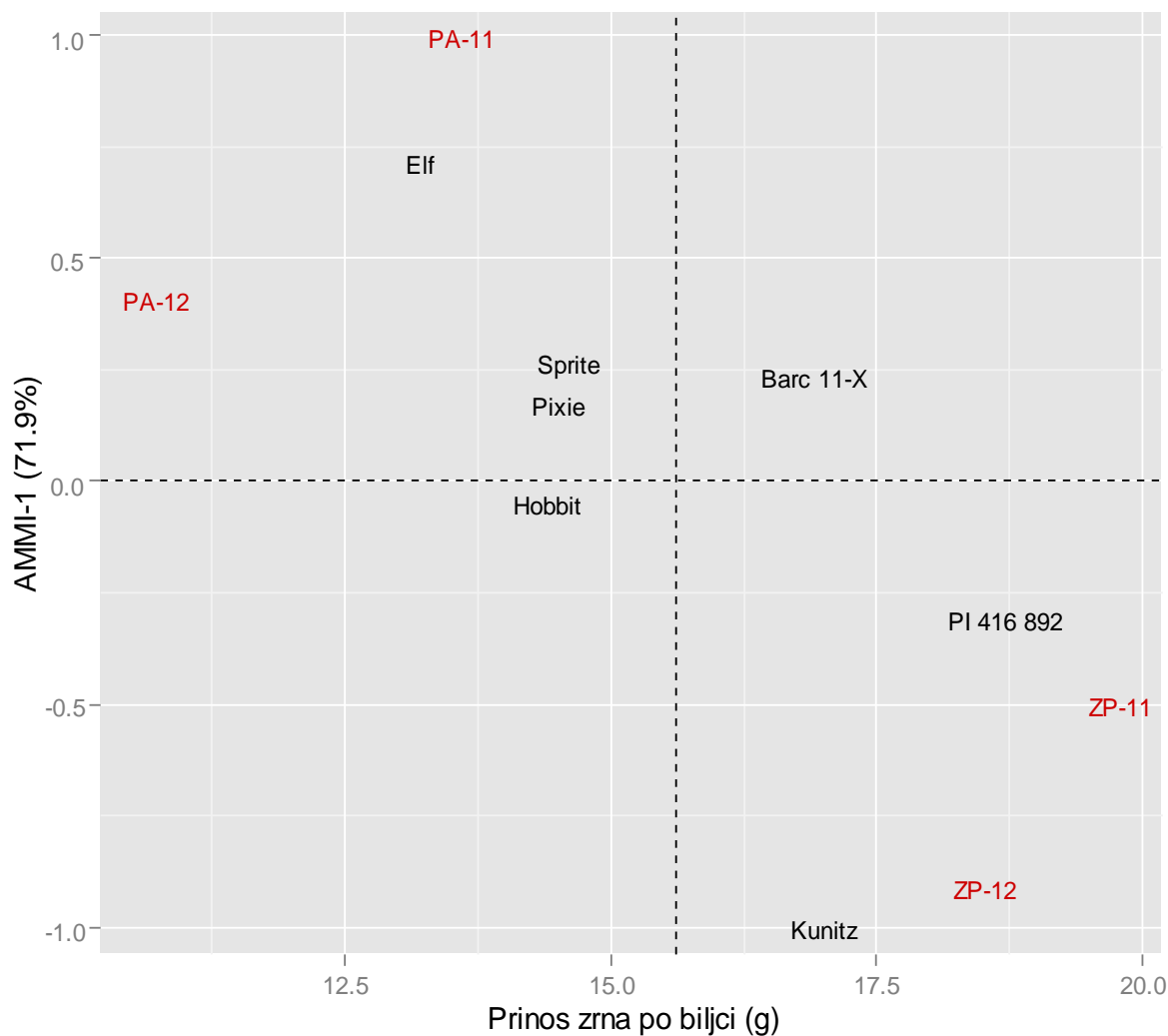
U okviru ove grupe nisu identifikovani genotipovi koji se pozicioniraju oko linije stabilnosti, a veliki broj genotipova imao je visoku vrednost interakcijskog skora, pa bi se moglo reći da ova grupa generalno predstavlja slabo-adaptabilan izvor po etnog materijala za oplemenjivanje. Genotipovi iznadproseknog prinosa imali su uglavnom i slabiju adaptiranost na variranje uslova spoljašnje sredine, pri čemu su genotipovi najveće vrednosti prinosa (Vertex i Nena) imali i najveću vrednost interakcijske komponente. Zapaža se da su, ako se izuzme genotip Vertex, najveće vrednosti prinosa ostvarili genotipovi poreklom iz domaćih programa selekcije, čime se potvrđuje njihova superiornost u odnosu na introdukovanu germplazmu, a na osnovu vrednosti interakcije (sa izuzetkom genotipova umerene interakcije – Vojvođanka i Lana) zaključuje se da su ovi genotipovi usko prilagođeni samo određenim sredinama.



Grafikon 26: AMMI-1 biplot za prinos zrna po biljci genotipova soje GZ II (ZP-Zemun Polje, PA-Pan evo, 11 i 12 – godine izvo enja ogleda)

Grupa zrenja III

Iz grafi kog prikaza interakcije genotipova soje grupe zrenja III za prinos zrna pomo u AMMI-1 biplota uo ava se da je prvom glavnom komponentom objašnjen veliki deo (71,9%) sume interakcije genotipa i spoljašnje sredine (grafikon 27). Razlike u glavnim efektima spoljašnjih sredina bile su uglavnom velike. Sredine u kojima je ostvaren najve i (ZP-11) i najmanji prose an prinos zrna (PA-12) imale su i najstabilniju reakciju genotipova. Genotipovi ispitivani u ostalim sredinama pokazali su izrazitu nestabilnost u pogledu visine prinosa zrna.



Grafikon 27: AMMI-1 biplot za prinos zrna po biljci genotipova soje GZ III (ZP-Zemun Polje, PA-Pan evo, 11 i 12 – godine izvo enja ogleda)

Genotipovi Sprite, Pixie, Barc 11-X i Hobbit imali su mali doprinos interakciji u sredinama u kojima su ispitivani. Visoka stabilnost i iznadprose na vrednost prinosa genotipa Barc 11-X sugerišu njegov potencijalni zna aj u oplemenjivanju na poboljšanje prinosa. Genotip PI 416 892 sa najve im ostvarenim prose nim prinosom zrna u okviru grupe i relativno zadovoljavaju om stabilnoš u tako e zaslužuje pažnju prilikom kreiranja roditeljskih kombinacija za oplemenjivanje na prinos zrna. Imaju i u vidu da oba genotipa u svojoj genetici koj osnovi imaju odre eni udeo egzotične germplazme, može se zaklju iti da introdukovana germplazma ne mora po pravilu biti niti manje prinosna, niti slabo adaptabilna. Od etiri genotipa poreklom iz iste roditeljske kombinacije (Elf, Sprite, Hobbit i Pixie), tri su pokazala veoma sli nu

prose nu vrednost prinosa i sli an interakcijski efekat, dok je genotip Elf ostvario manji prinos i bio manje stabilan.

Interakcija genotip \times spoljašnja sredina za prinos zrna kao i uticaj neaditivnih efekata gena naj eš e su visoko zna ajni, te je heritabilnost prinosa obi no ispod 30% (Karasu i sar. 2009; Peri , 2009). Najve i broj istraživanja samo konstatuje statisti ki visoko zna ajnu interakciju izme u genotipa i spoljašnje sredine za prinos zrna soje (Vollmann i sar., 2000b; Rao i sar., 2002) ali se detaljnijom analizom interakcijskog efekta bavi manji broj studija, primenjuju i razli ite metode (Sudari i sar., 2006a; Yan i Rajcan, 2002; Karasu i sar., 2009; Gauch i Zobel, 1988).

Ispituju i stabilnost 8 genotipova soje u etiri spoljašnje sredine primenom regresionih modela po Finlay-Wilkinson-u i Eberhart-Russell-u, Karasu i sar. (2009) utvr uju odsustvo stabilnih genotipova u ispitivanom setu, i identifikuju visoko-prinosne genotipove adaptirane na povoljne uslove sredine, kao i genotipove niskog prinosa, bolje prilago ene nepovoljnim agroekološkim uslovima. Sudari i sar. (2006a), primenom simetri ne linearne regresije utvr uju da su najnestabilniji genotipovi imali i vrednost prinosa ispod opšteg proseka, da su visoko-prinosni genotipovi imali prose nu stabilnost, i da nijedan genotip visokog prinosa nije imao imao tendenciju formiranja iznadprose nog prinosa u povoljnim sredinama. Ispituju i stabilnost i adaptabilnost genotipova soje u dva regiona Argentine primenom regresionih modela i AMMI analize, de Oliveira i sar. (2006) zaklju uju da razli iti modeli odgovaraju genotipovima južnog (AMMI 4) i centralnog regiona (AMMI 3), ine i analizu preko biplota veoma kompleksnom, i istovremeno ne daju i dodatni doprinos tuma enju parametara stabilnosti i adaptabilnosti izra unatih na osnovu regresionih modela. Yan i Rajcan (2002) isti u zna aj GGE biplota u analizi strukture interakcije genotip \times spoljašnja sredina, identifikaciji mega-sredina (grupa lokacija koje konzistentno poseduju najbolje genotipove uz ponavljanje istog tzv. “which-won-where” obrasca), i u izboru superiornih genotipova i test-sredina za datu mega-sredinu. Isti autori su analizom interakcije pomo u GGE biplota utvrdili da je, zavisno od godine, biplotom objašnjeno 77-89% varijacije prinosa koja se pripisuje glavnim efektima genotipa i interakciji genotip \times spoljašnja sredina. Zhang i sar. (2005) koriste GGE biplot za identifikaciju najprinosnijih i najstabilnijih u grupi od 100 genotipova razli itih gupa zrenja testiranih u Virdžiniji. Zhe i sar. (2010) upotrebom GGE biplota procenjuju efikasnost

tradicionalnih test-lokacija da obezbede pouzdane informacije o sorti, i odbacuju suvišne lokacije koje ne daju jedinstvene informacije.

Glavni efekti spoljašnjih sredina imali su jednak rang posmatrano kroz sve grupe zrenja. Genotipovi ispitivani na lokaciji Zemun Polje u obe godine ostvarili su prinos zrna iznad opšteg proseka, pri čemu je veći prinos ostvaren u toku 2011. godine. Genotipovi ispitivani na lokaciji Pančevo ostvarili su prinos ispod opšteg proseka, pri čemu je prinos u 2012. godini bio niži. Ovakvi rezultati nisu bili ekvivalentni, s obzirom da su na obe lokacije meteorološki uslovi u toku 2012. godine bili izrazito nepovoljniji u odnosu na 2011. godinu. Stoga se pretpostavljalo da je prinos zrna ostvaren na lokaciji Pančevo u toku 2011. godine bitno veći od prinosa zrna formiranog na lokalitetu Zemun Polje u toku 2012. godine. U toku maja i početkom juna 2011. godine, nastupili su povoljni vremenski uslovi, donoseći i obilne padavine, posebno na lokalitetu Pančevo. To je uzrokovalo intenzivan porast nadzemne mase, ali i slabiji razvoj korenovog sistema što se odrazilo na slabo tolerisanje suše u kasnijim fazama razvoja kod genotipova ispitivanih na lokaciji Pančevo u toku 2011. godine. Osim toga, iako tip zemljišta na navedenoj lokaciji (karbonatni černozem na lesnoj terasi) spada u visokoproduktivna zemljišta, prinos zrna ratarskih biljaka gajenih na njemu ipak nije ispoljava značajnu varijaciju, uzrokovanu pojavom suše kao i nepoštovanjem plodoređa i neadekvatnom obradom (Ugrešinić, 2013), čime se donekle može objasniti manji prinos na lokaciji Pančevo u umereno sušnoj godini u odnosu na prinos ostvaren u Zemun Polju u ekstremno sušnoj godini.

Razlike prosečne vrednosti prinosa genotipova ispitivanih u istoj godini na različitim lokacijama bile su veće od razlika utvrđenih kod genotipova na istoj lokaciji u različitim godinama, što nije u saglasnosti sa navodima literature. Miladinović i sar. (2006a) kao i Sudarić i sar. (2006a) navode da su veće razlike u prinosu uočene kod genotipova testiranih u različitim godinama na istoj lokaciji, nego između različitih lokacija u istoj godini, odnosno da je uticaj lokacije bio manji od uticaja godine.

Kod genotipova GZ 00 ispitivanih u Zemun Polju, prinos je u toku dve godine ispitivanja bio gotovo identičan iako su se agroekološki uslovi veoma razlikovali (2012. godina okarakterisana kao ekstremno sušna a 2011. kao umereno sušna). Odsustvo ekvivalentne redukcije prinosa genotipova GZ 00 u 2012. godini na lokaciji Zemun Polje objašnjava se činjenicom da sorte kratke vegetacije u uslovima ekstremnih temperatura i

deficita vlage ranije i brže prolaze kroz kritične faze formiranja i nalivanja zrna pa je njihov prinos manje pogođen nepovoljnim uslovima (Miladinović i sar., 2006a).

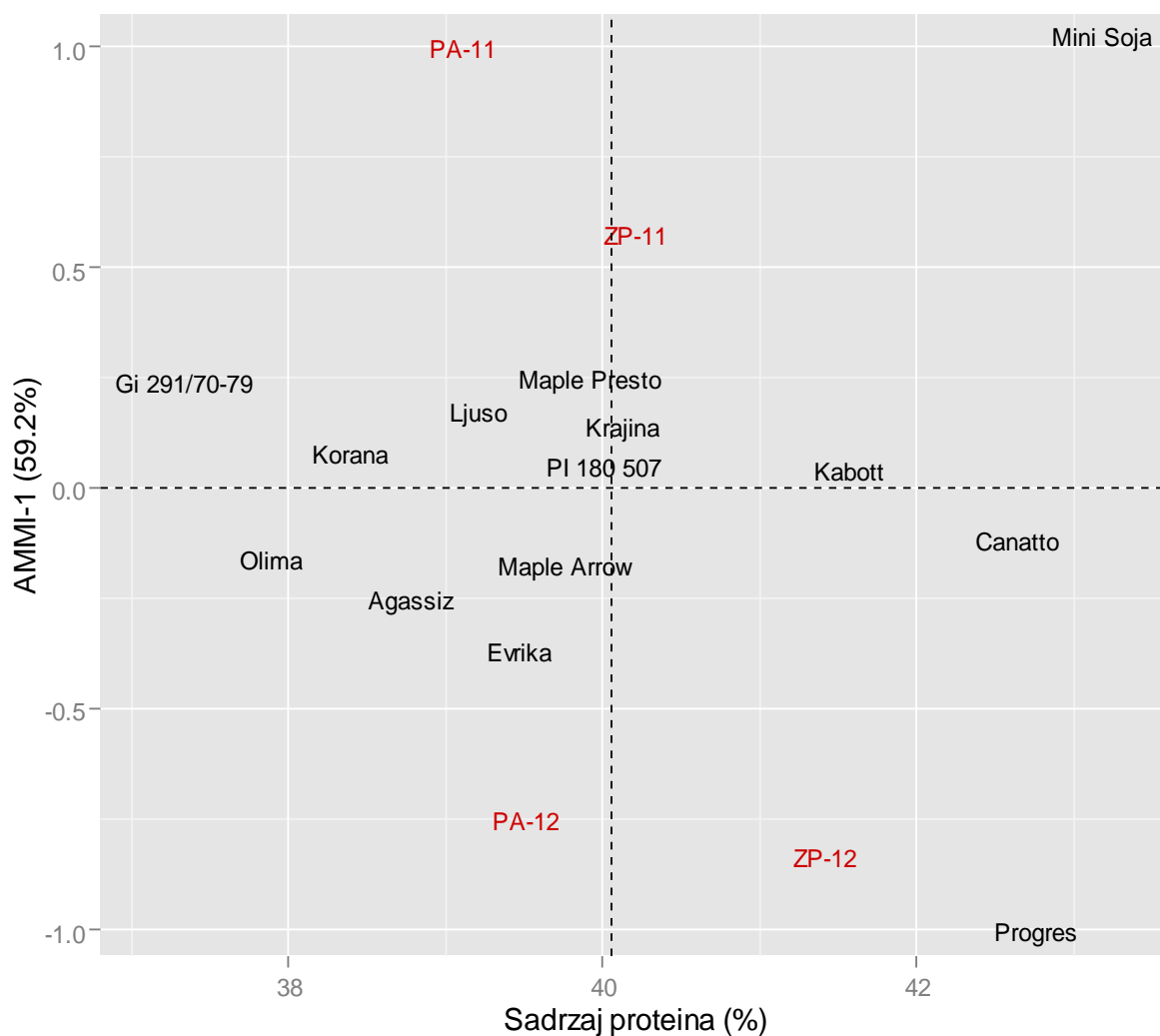
Procena interakcije genotip \times spoljašnja sredina pomoću AMMI modela omogućava efikasniju selekciju superiornih genotipova, obezbeđujući i veći napredak u oplemenjivanju (Crossa i sar., 1990). Primenom AMMI-1 modela, u okviru svake grupe zrenja uspešno su identifikovani visoko-prinosni genotipovi, visokog ili zadovoljavajućeg nivoa stabilnosti. Može se reći da su se grupe zrenja kraće vegetacije (00, 0 i I) karakterisale većim brojem genotipova sa prinosom iznad proseka grupe koji su istovremeno imali i visoku stabilnost, dok je kod sorti kasnije vegetacije (GZ II) identifikovan manji broj visoko-prinosnih genotipova sa umereno visokom stabilnošću. Kasnije sorte zahtevaju povoljnije uslove za realizaciju svog visokog genetičkog potencijala rodnošću, pa u godinama sa nepovoljnim agroekološkim uslovima mogu ispoljiti veću redukciju prinosa u odnosu na rane sorte (Miladinović i sar., 2006a). Drugim rečima, rane sorte pokazuju veću stabilnost prinosa, što je delimično u skladu i sa rezultatima našeg istraživanja. U okviru GZ III koju uglavnom čine genotipovi sa izvesnim procentom egzotične germplazme u osnovi, dva genotipa su, uprkos pretpostavljenoj slaboj adaptaciji, formirali visok prinos zadovoljavajuće stabilnosti. Sudarić i sar. (2006b) su regresionom analizom ispitivali agronomsku vrednost kanadskih i domaćih sorti u petogodišnjim ogledima na jednoj lokaciji. Agronomski performans osijeh sorti bio je značajno bolji u poređenju sa kanadskim, ali su istovremeno kanadske sorte uprkos kraćoj vegetaciji ispoljile poželjne agronomске osobine i dobru stabilnost i adaptaciju u poređenju sa osijehim, otkrivajući i oplemenjivaki potencijal introdukovanih genotipova.

Burton (1998) ističe da u sortnim ogledima soje najveći deo interakcije genotip \times spoljašnja sredina potiče od sorti izuzetno niskog prinosa. Za većinu genotipova sa prinosom zrna veoma ispod ili iznad proseka grupe utvrđena je najčešće i visoka vrednost interakcije, što uslovno umanjuje njihov značaj u oplemenjivanju (Kelly i sar., 1998; Kang, 2004). Međutim, ove genotipove ne bi trebalo obavezno i odbaciti, obzirom da su klimatski faktori na obe lokacije u toku dve vegetacione sezone bili više nego nepovoljni. Prema Babić (2011) i ovakvi genotipovi mogu biti interesantni u sredinama povoljnih klimatskih uslova i visokog nivoa primenjene agrotehnike, koje omogućavaju da njihov genetički potencijal u potpunosti dođe do izražaja.

5.2.5.2. Sadržaj proteina

Grupa zrenja 00

Veliki deo varijacije (59,2%) interakcije genotipa i spoljašnje sredine za sadržaj proteina u zrnju genotipova soje GZ 00 objašnjen je prvom interakcijskom osom AMMI-1 modela (grafikon 28). Razlike u glavnim efektima ispitivanih spoljašnjih sredina nisu bile velike, s obzirom da su sve sredine imale vrednost sadržaja proteina blizu opšteg proseka.



Grafikon 28: AMMI-1 biplot za sadržaj proteina genotipova soje GZ 00 (ZP-Zemun Polje, PA-Pan evo, 11 i 12 – godine izvo enja ogleda)

Interakcijski uticaj etiri spoljašnje sredine na genotipove bio je uglavnom varijabilan. Oba lokaliteta ispitivanja pokazala su pozitivan interakcijski efekat u 2011. i negativan interakcijski efekat u 2012. godini, pri emu su genotipovi ispitivani u Pan evu 2011. godine bili najnestabilniji, dok su genotipovi ispitivani u toku 2012. godine pokazali približno jednaku stabilnost na obe lokacije

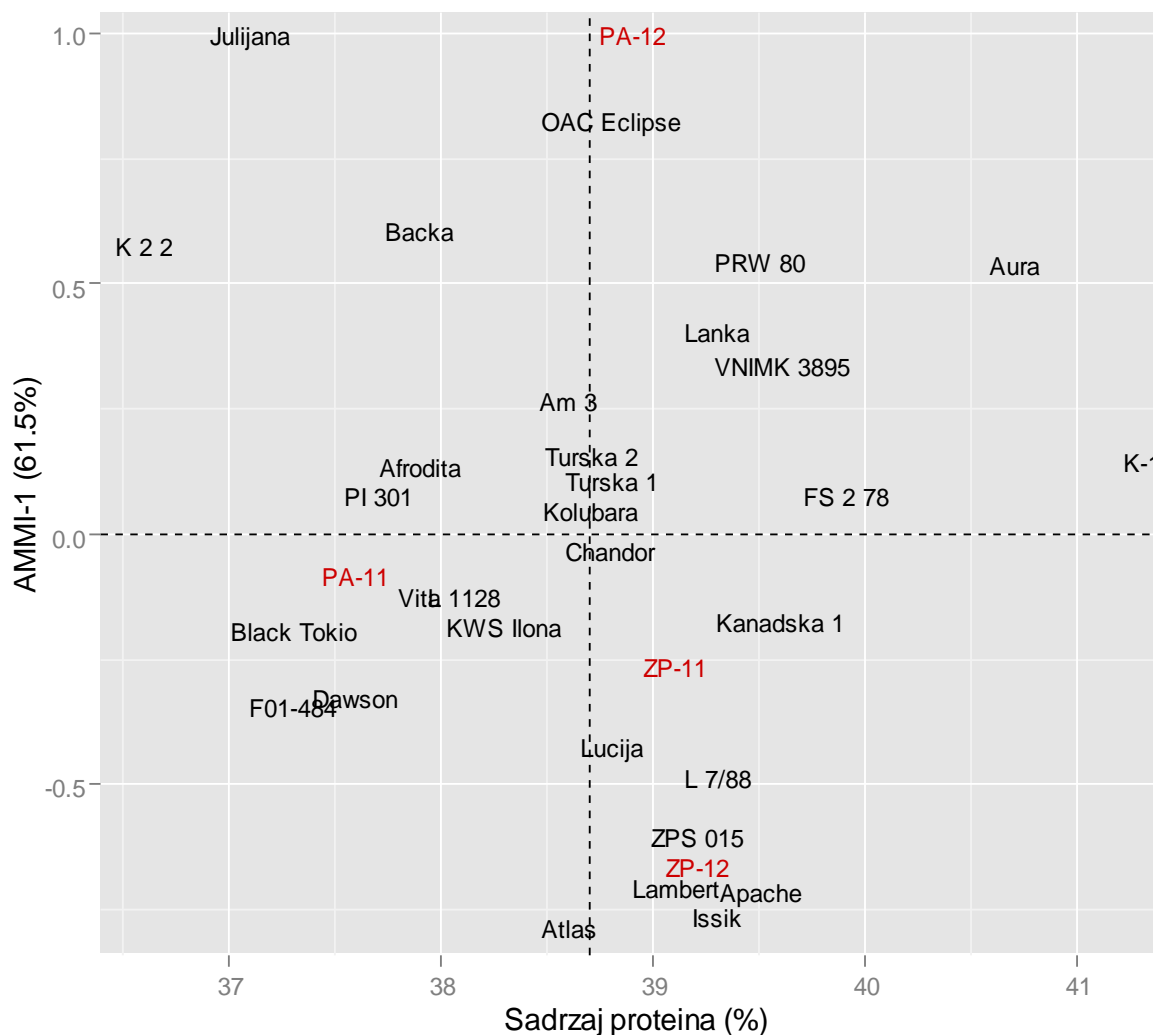
Ve i broj genotipova razli itog sadržaja proteina (Korana, PI 180 507, Kabott, Krajina, Canatto) pokazao je mali doprinos interakciji u ispitivanim sredinama. Genotipovi iznadprose nog sadržaja proteina i male vrednosti interakcije (Kabott i Canatto) imaju potencijalno najve i zna aj za dizajniranje roditeljskih kombinacija prilikom oplemenjivanja na sadržaj proteina. Iako su se genotipovi Mini Soja i Progres istakli veoma visokim sadržajem proteina u zrnu, visoka vrednost interakcije ograni ava njihov zna aj i upotrebu u programu selekcije na poboljšanje kvaliteta zrna.

Grupa zrenja 0

AMMI-1 modelom je objašnjeno 61,5% varijacije sume kvadrata interakcije genotipa i spoljašnje sredine za sadržaj proteina genotipova soje gupe zrenja I (grafikon 29). Glavni efekti tri spoljašnje sredine (ZP-11, ZP-12 i PA-12) su se manje razlikovali, pa su genotipovi ispitivani u pomenutim sredinama imali prose nu vrednost sadržaja proteina blisku opštem proseku, dok su genotipovi ispitivani na lokalitetu Pan evo u toku 2011. godine imali ispodprose nu vrednost sadržaja proteina. Istovremeno, genotipovi ispitivani u pomenutoj sredini najmanje su reagovali na promene agroekoloških uslova, pokazuju i najve u stabilnost. Najve a vrednost interakcije utvr ena je kod genotipova ispitivanih u Pan evu u toku 2012. godine, dok su genotipovi ispitivani u Zemun Polju u toku obe godine pokazali nešto ve u stabilnost.

Genotipovi su se veoma razlikovali prema glavnim efektima i interakcijskoj komponenti. Ve i broj genotipova prose nog sadržaja proteina (Turska 2, Turska 1, Kolubara, Chandor) pokazao je mali doprinos interakciji u sredinama u kojima su ispitivani. Genotipovi zadovoljavaju e stabilnosti, FS 2 78 i Kanadska 1 imali su i iznadprose an sadržaj proteina, a genotip koji je sintetisao najve i procenat proteina u zrnu (K-1) pokazao je veoma visoku stabilnost osobine. Tri navedena genotipa predstavljaju mogu i izvor germplazme za oplemenjivanje na poboljšan hemijski sastav

zrna. Genotip Aura, koji je ostvario visok sadržaj proteina u zrnju, odlikovao se i izrazitom nestabilnošću, pa je njegov oplemenjivački značaj ograničen.

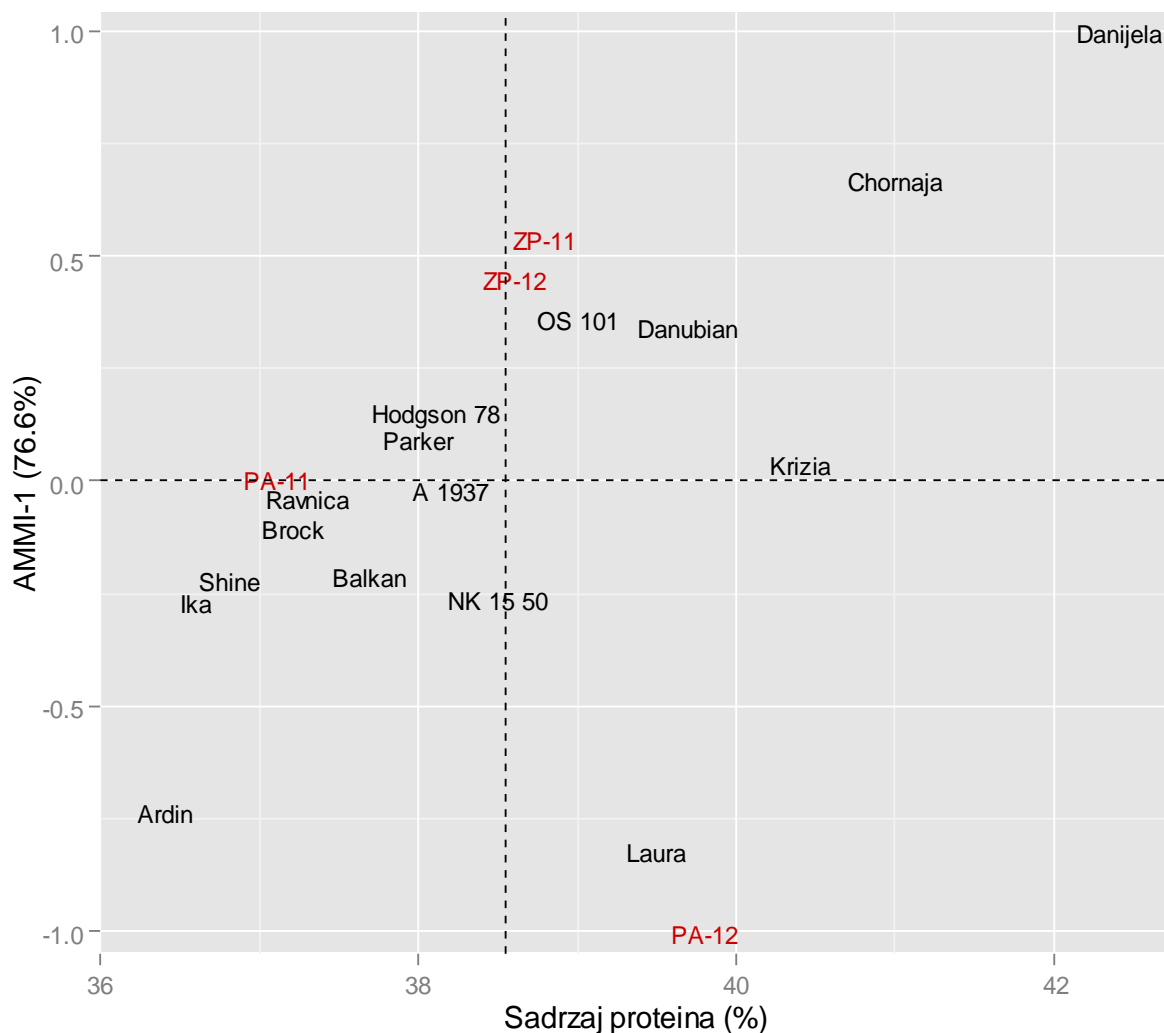


Grafikon 29: AMMI-1 biplot za sadržaj proteina genotipova soje GZ 0 (ZP-Zemun Polje, PA-Pan evo, 11 i 12 – godine izvođenja ogleda)

Grupa zrenja I

Prvom interakcijskom osom AMMI-1 modela obuhvaćen je veliki deo varijacije (76,6%) interakcije genotipa i spoljašnje sredine za sadržaj proteina u zrnju genotipova grupe zrenja I (grafikon 30). Lokacija Zemun Polje je u obe godine ispitivanja na slici an na in uticala na genotipove. Genotipovi ispitivani na ovoj lokaciji u obe godine imali su

sli an prose an sadržaj proteina, blizak opštem proseku, i umereno su interagovali sa spoljašnjom sredinom.



Grafikon 30: AMMI-1 biplot za sadržaj proteina genotipova soje GZ I (ZP-Zemun Polje, PA-Pan evo, 11 i 12 – godine izvo enja ogleda)

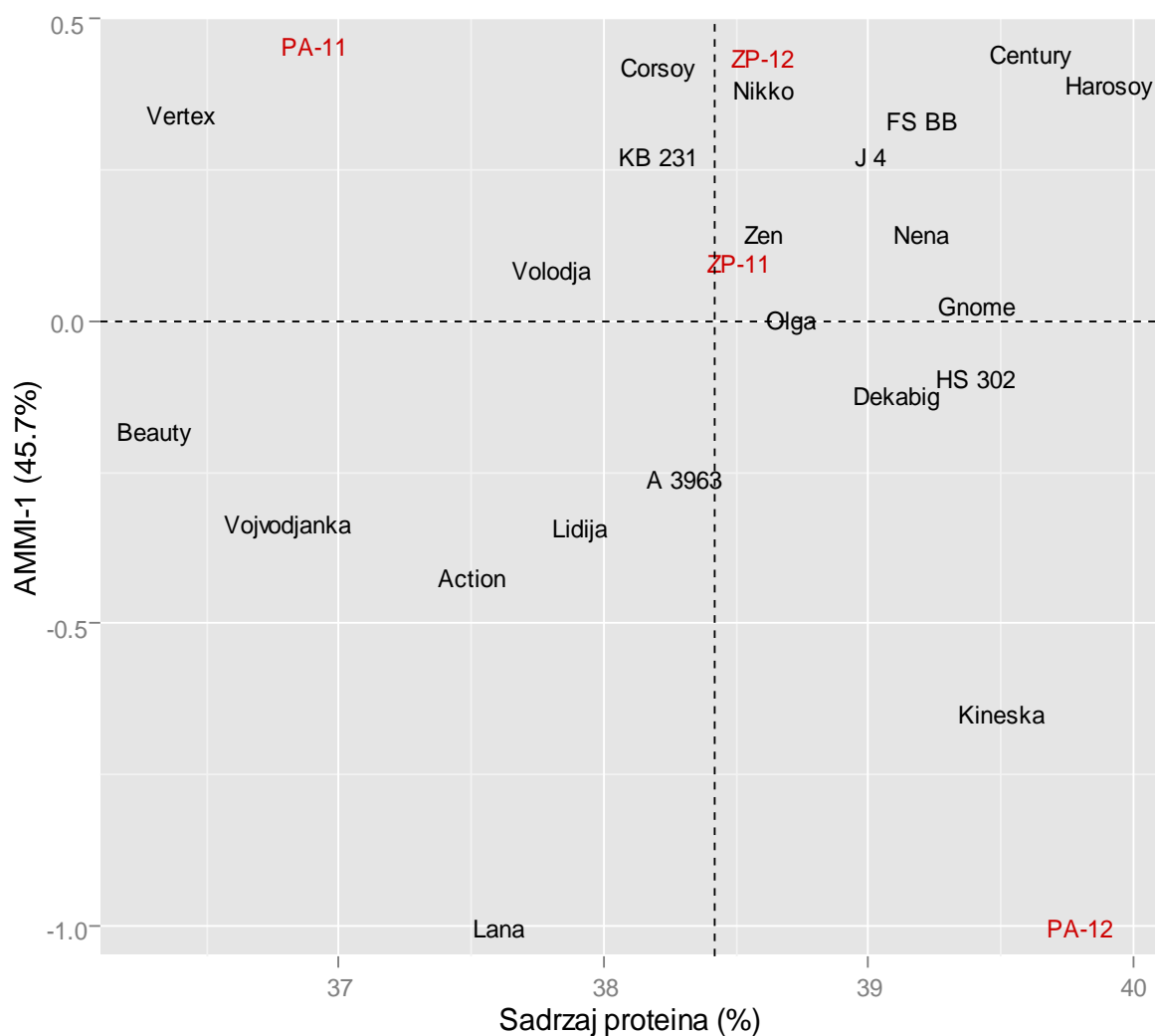
Genotipovi ispitivani u Pan evu u toku 2011. godine pokazali su potpuno odsustvo interakcije odnosno najve u stabilnost sadržaja proteina. Sredina u kojoj je ostvaren najve i prinos zrna imala je i najve u interakcijsku komponentu (PA-12).

Genotipovi Ravnica, Brock, A 1937, Hodgson 78, Parker i Krizia bili su blizu linije stabilnosti, što ukazuje na njihov ve i stepen adaptacije na promene u uslovima spoljašnje sredine u odnosu na ostale genotipove. Me u njima, najve i oplemenjiva ki zna aj ima genotip Krizia, s obzirom da je osim vrednosti proteina iznad opšteg proseka

imao i visoku stabilnost. Ostali genotipovi iznadprose nog sadržaja proteina bili su udaljeni od linije stabilnosti, što ukazuje na njihovo izrazito variranje kroz ispitivane spoljašnje sredine i verovatno dobru prilago enost manjem broju specifi nih sredina.

Grupa zrenja II

Iz grafi kog prikaza interakcije genotipova soje grupe zrenja III za sadržaj proteina u zrnu pomo u AMMI-1 biplota (grafikon 31) uo ava se da je prvom glavnom komponentom objašnjeno 45,7% sume kvadrata interakcije genotipa i spoljašnje sredine.



Grafikon 31: AMMI-1 biplot za sadržaj proteina genotipova soje GZ II (ZP-Zemun Polje, PA-Pan evo, 11 i 12 – godine izvo enja ogleda)

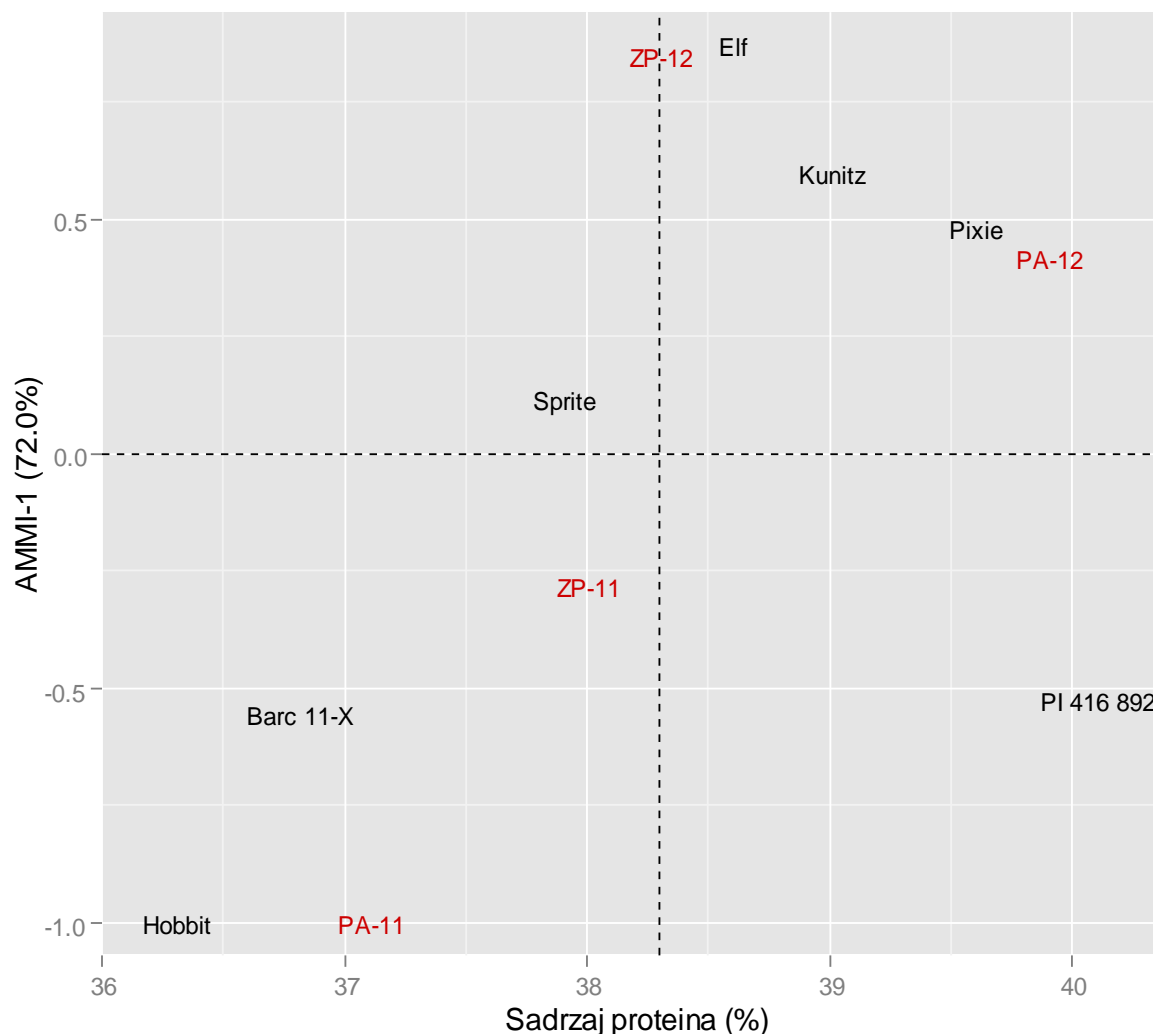
Sredine PA-11 i ZP-12 imale su skoro jednak doprinos interakciji, dok su se njihovi glavni efekti veoma razlikovali. Genotipovi ispitivani na lokaciji Zemun Polje u toku obe godine imali su sličnu prosečnu vrednost sadržaja proteina, razlikuju i se po reakciji na promene uslova spoljašnje sredine, tako da su genotipovi ispitivani u toku 2011. godine pokazali veću stabilnost. Izrazita nestabilnost utvrđena je kod genotipova ispitivanih u Pančevu u toku 2012. godine, koji su ujedno imali i najveću u prosečnu vrednost sadržaja proteina. Široka disperzija genotipova duž apscise ukazuje na velike razlike u njihovim glavnim efektima.

Genotipovi su se razlikovali i po vrednosti interakcijske komponente. Stabilna reakcija zapaža se kod malog broja genotipova koncentrisanih uz liniju stabilnosti, pri čemu najveći i značaj imaju genotipovi sa sadržajem proteina iznad opšteg proseka (Olga, Nena, Gnome, HS 302 i Dekabig). Najveće variranje kroz spoljašnje sredine utvrđeno je za genotipove ispodprosečne (Lana) i iznadprosečne vrednosti sadržaja proteina (Kineska).

Grupa zrenja III

Kod genotipova GZ III, AMMI-1 modelom objašnjeno je 72,0% interakcije genotipa i spoljašnje sredine za sadržaj proteina u zrnju (grafikon 32). Na osnovu glavnih efekata spoljašnjih sredina uočava se da su genotipovi ispitivani na lokaciji Zemun Polje u toku obe godine imali sličnu prosečnu vrednost osobine, ujedno i blisku opštem proseku, dok su genotipovi ispitivani u Pančevu imali najveći i prosečan sadržaj proteina u toku 2012. i najmanji u toku 2011. godine.

Sve spoljašnje sredine, osim ZP-11 pokazale su izraženu nestabilnu reakciju genotipova na agroekološke uslove. Velike razlike u glavnim efektima genotipova, kao i razlike u njihovoj interakcijskoj komponenti zapažaju se na dijagramu. Samo se genotip Sprite odlikuje stabilnim sadržajem proteina, dok je kod ostalih ova osobina veoma varirala sa promenama u uslovima spoljašnje sredine. Mogli bi se, uslovno, izdvojiti genotipovi sa sadržajem proteina iznad opšteg proseka i relativno manje interakcije u odnosu na ostale, kao potencijalni izvori materijala za oplemenjivanje na poboljšan tehnološki kvalitet zrna.



Grafikon 32: AMMI-1 biplot za sadržaj proteina genotipova soje GZ III (ZP-Zemun Polje, PA-Pan evo, 11 i 12 – godine izvo enja ogleda)

Sadržaj proteina u zrnu je kvantitativno svojstvo determinisano ve im brojem gena sa *minor* ili *major* efektom (Hyten i sar., 2004), i u velikoj meri zavisi od faktora spoljašnje sredine kao i interakcije genotip \times sredina (Miladinovi i sar., 1996; Baleševi -Tubi i sar., 2011). Rezultati istraživanja koja se bave procenom uticaja geneti kih faktora i efekata spoljašnje sredine na varijabilnost sadržaja proteina, ukazuju da je determinacija i odvajanje relativne važnosti ova dva faktora složena (Yaklich, 2002; Dardanelli i sar., 2006). Literaturni podaci pokazuju upotrebu razli itih metoda prou avanja strukture interakcije genotip \times spoljašnja sredina za sadržaj proteina u zrnu. Baleševi -Tubi i sar. (2011) su primenom linearnog modela utvrdili razlike u sadržaju i stabilnosti sadržaja proteina kod genotipova ispitivanih u dva tipa

sredina. Identifikovali su genotipove dobre adaptiranosti na sve spoljašnje sredine, kao i one koji imaju bolju reakciju u povoljnim agroekološkim uslovima, odnosno bolju adaptaciju u klimatski nepovoljnim sredinama. Primenom istog modela, Sudari i sar. (2006a) su utvrdili da su najve u reakciju na promene u uslovima spoljašnje sredine pokazali genotipovi najmanjeg sadržaja proteina u zrnu, dok su genotipovi prose ne vrednosti osobine bili uglavnom i najstabilniji.

Kod genotipova GZ 0-II, uoči se da je najve i sadržaj proteina sintetisan u toku 2012. godine na lokaciji Pan evo, koja se pokazala kao najnepovoljnija sredina ispitivanja u pogledu meteoroloških uslova. Vollmann i sar. (2000a) utvrdili su najve i sadržaj proteina kod sorti soje rane vegetacije u umereno-sušnim godinama sa visokim temperaturama u toku naliivanja zrna. Piper i Boote (1999) istu u kvadratni oblik zavisnosti izme u sadržaja proteina i srednje dnevne temperature u periodu naliivanja zrna, utvrdivši da sadržaj proteina raste sa opadanjem temperaturama ispod 20, odnosno porastom iznad 25°C u navedenom periodu. Dornbos i Mullen (1992) navode da suša u fazi naliivanja zrna dovodi do povećanja sadržaja proteina za 4,4%, dok se prinos zrna i sadržaj ulja smanjuju. Povećanje koncentracije proteina u nepovoljnim uslovima ne proizilazi iz njihove povećane sinteze, već iz razlika u koncentraciji ostalih komponenti. Ista sinteza nije u istoj meri inhibirana (Rotundo i Westgate, 2009). Suša u fazi naliivanja skraćuje period naliivanja i dovodi do redukcije svih komponenti hemijskog sastava zrna, ali je sinteza proteina najmanje pogođena zahvaljujući i re-mobilizaciji azota iz listova (Brevedan i Egli, 2003), čime se donekle kompenzuje skraćivanje perioda naliivanja i akumulacija proteina održava na određenom nivou. Ukoliko suša nastupi na početku reproduktivne faze tj. u periodu cvetanja, oplodnje i formiranja semena, sadržaj proteina po jedinici mase zrna raste i za 6%, kao rezultat formiranog manjeg broja zrna po biljci (Rotundo i Westgate, 2009; Ghassemi-Golezani i sar., 2013).

Za sve grupe zrenja najniži sadržaj proteina utvrđen je na lokaciji Pan evo u toku 2011. godine, dok su se rangovi glavnih efekata sredina PA-12, ZP-11 i ZP-12 menjali kroz grupe zrenja. Kod genotipova GZ 0-II testiranih na lokaciji Zemun Polje gotovo da nije bilo razlike u sadržaju proteina izme u dve godine ispitivanja. Interakcijska komponenta ZP-11 i ZP-12 imale su isti predznak, uz manje razlike u vrednosti, što ukazuje da je ova lokacija u toku dve godine različit u pogledu meteoroloških uslova, na šta su na to uticala na genotipove GZ 0-II. Na varijaciju u

sadržaju proteina, pored klimatskih uslova, utiče i obezbeđenost zemljišta azotom (Vollmann i sar., 2000a; Perić i sar., 2009) kao i simbiotska azotofiksacija (Soldati, 1995), te je moguće da su se navedeni faktori na lokaciji Zemun Polje znatno razlikovali u toku dve godine ispitivanja, i verovatno donekle kompenzovali efekte sušne 2012. godine. Vollmann i sar. (2000b) iznose da je varijacija u sadržaju proteina, prinosu zrna i masi hiljadu zrna u velikoj meri rezultat heterogenosti zemljišnih parametara.

Stabilan rang genotipova kroz različite sredine pretpostavka je za genetički napredak u poboljšanju sadržaja proteina u zrnu soje (Vollmann i sar., 2000a). Identifikacija genotipova iznadprose nog sadržaja proteina zadovoljavajuće stabilnosti bila je moguća u okviru svih, osim u okviru GZ III. Genotipovi visoke vrednosti osobine imali su najviše i visoku interakcijsku komponentu, što je u saglasnosti sa navodima Annicchiarica (2002), koji ističe da sorte koje imaju opštu, široku stabilnost u velikom opsegu različitih agrokoloških uslova imaju i nižu vrednost osobine u odnosu na sorte koje su specifično ili usko adaptirane na određene regione, ostvaruju i visoku vrednost osobine u povoljnim i niskim u nepovoljnim sredinama.

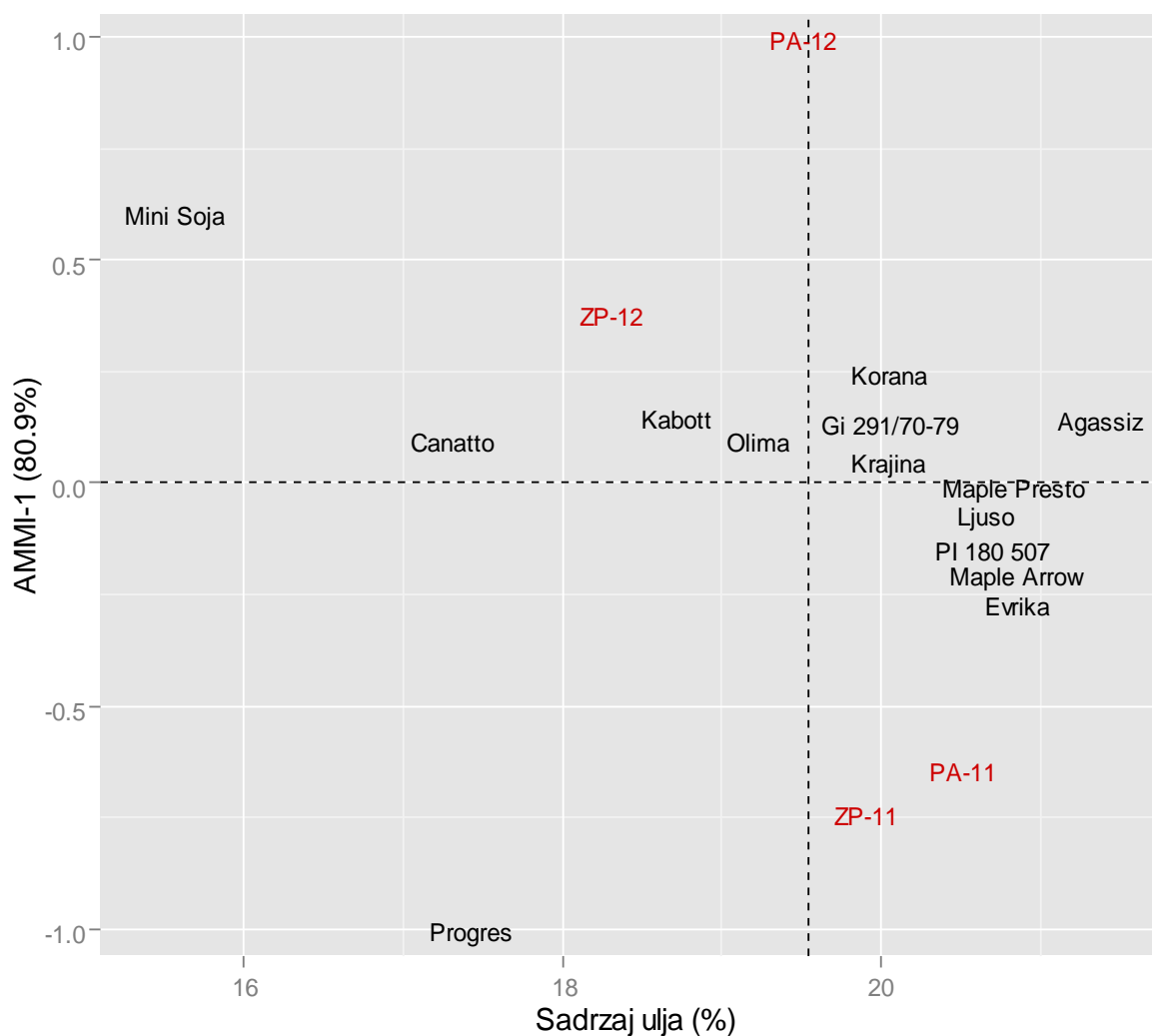
Konačno, pri odabiru genotipova za oplemenjivanje na povećan sadržaj proteina u zrnu, pažnja mora biti fokusirana i na visinu i stabilnost prinosa datih genotipova, zbog negativne povezanosti prinosa zrna i sadržaja proteina i činjenice da se u biparentalnim ukrštanjima visoko-proteinskih linija smanjenje prinosa nužno dešava i pri niskom selekcionom pritisku na sadržaj proteina (Helms i Orf, 1998), što se donekle prevazilazi samo konceptom dugotrajne rekurentne selekcije (Wilcox, 1998).

5.2.5.3. Sadržaj ulja

Grupa zrenja 00

AMMI-1 model je objasnio 80,91% varijacije sume kvadrata interakcije genotipa i spoljašnje sredine za sadržaj ulja genotipova soje grupe zrenja 00 (grafikon 33). Kao i za sadržaj proteina, glavni efekti spoljašnjih sredina nisu se mnogo razlikovali. Visok prosečan sadržaj ulja ostvarili su genotipovi ispitivani u 2011. godini na oba lokaliteta, pokazujući i sličnu vrednost interakcije.

Najmanju stabilnost sadržaja ulja pokazali su genotipovi ispitivani u Pančevu u 2012. godini, dok je najmanji interakcijski skor imala lokacija Zemun Polje iste godine, izdvajajući se kao sredina povoljna za sve genotipove.

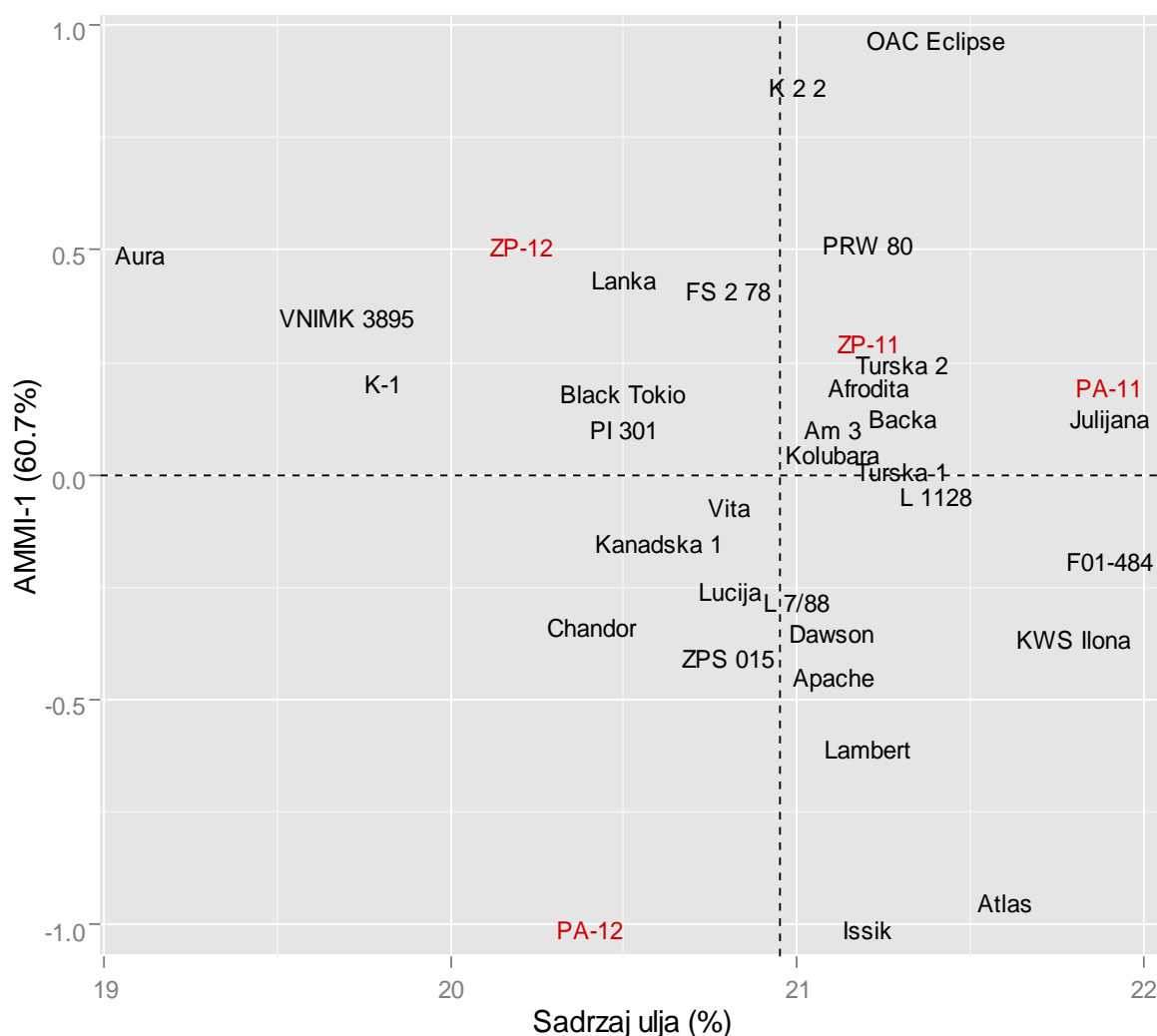


Grafikon 33: AMMI-1 biplot za sadržaj ulja genotipova soje GZ 00 (ZP-Zemun Polje, PA-Pan evo, 11 i 12 – godine izvo enja ogleda)

Ve i broj genotipova (Canatto, Kabott, Olima, Gi 291/70-79, Krajina, Agassiz, Maple Presto i Ljuso) bio je raspore en blizu linije stabilnosti, pri emu posebnu pažnju zaslužuju genotipovi iznadprose nog sadržaja ulja i visoke stabilnosti (Maple Presto i Ljuso) kao i genotip Agassiz, koji je imao maksimalnu prose nu vrednost ovog parametra, i malu vrednost interakcije sa spoljašnjim sredinama. Genotipovi niskih prose nih vrednosti sadržaja ulja (Mini Soja i Progres) imali su veoma slabu stabilnost, kao i za sadržaj proteina, što se može pripisati njihovoj genetici koja osnove i specifi noj reakciji na uslove ispitivanja veoma razli ite u odnosu na uslove regiona u kojem su selekcionisane.

Grupa zrenja 0

Veći deo varijacije (60,7%) interakcije genotipa i spoljašnje sredine za sadržaj ulja u zrnu objašnjen je prvom interakcijskom osom AMMI-1 modela (grafikon 34). Spoljašnje sredine u kojima su ispitivani genotipovi pokazale su varijaciju u glavnim i interakcijskim efektima. Genotipovi ispitivani u Pan evu u toku 2011. godine imali su najveću u proseku vrednost sadržaja ulja, i ujedno najmanju vrednost interakcije, odnosno najveću u stabilnost. Genotipovi ispitivani u toku 2012. godine na obe lokacije ispoljili su najvarijabilniju reakciju na promene agroekoloških uslova, pokazujući i relativno visoku nestabilnost.



Grafikon 34: AMMI-1 biplot za sadržaj ulja genotipova soje GZ 0 (ZP-Zemun Polje, PA-Pan ev, 11 i 12 – godine izvođenja ogleda)

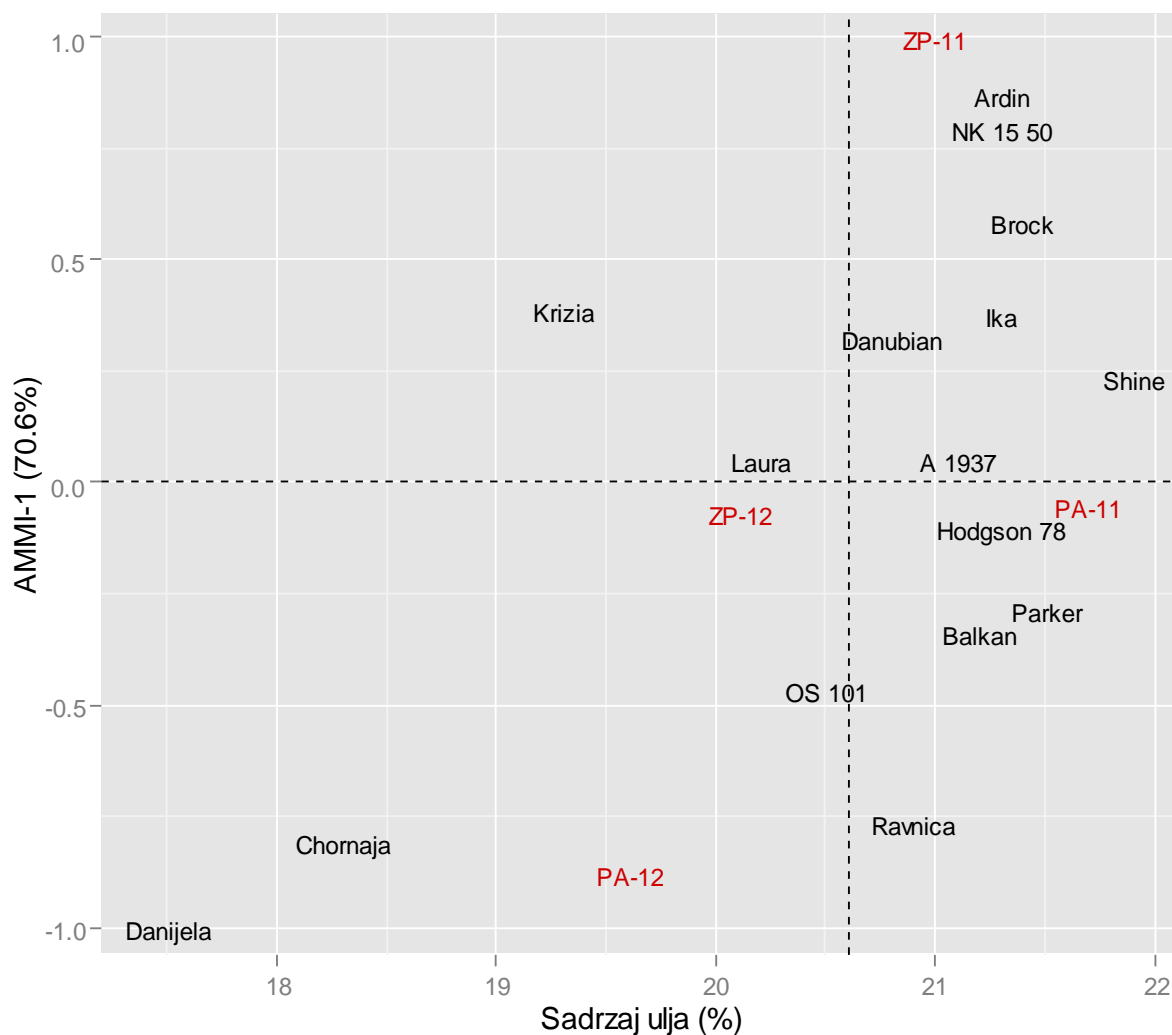
Disperzija genotipova na grafikonu ukazuje na velike razlike među njima, kako prema srednjim vrednostima, tako i po reakciji na promene uslova spoljašnje sredine. Pored velikog broja genotipova izrazito nestabilne reakcije, grupa zrenja 0 karakteriše se i prisustvom velikog broja genotipova stabilnog sadržaja ulja u različitim sredinama (PI 301, Vita, Kanadska 1, Am 3, Kolubara, Turska 1, L 1128, Bakarka) od kojih najviše i značaj imaju genotipovi iznad prosečne vrednosti osobine. Sorta Julijana odlikuje se najvišim sadržajem ulja i niskom vrednošću u interakcije, pa se ona smatra perspektivnim početnim materijalom za oplemenjivanje na poboljšanje sadržaja ulja u zrnju.

Grupa zrenja I

Na osnovu AMMI-1 biplota (grafikon 35) se uočava da je prvom interakcijskom komponentom AMMI-1 modela objašnjeno 70,6% varijacije interakcije genotipa i spoljašnje sredine za sadržaj ulja genotipova soje grupe zrenja I.

Ako se izuzmu genotipovi ispitivani u Pančevu u toku 2012. godine, može se reći da su razlike u glavnim efektima spoljašnjih sredina bile relativno male, tako da su genotipovi ispitivani u ZP-11, PA-11 i ZP-12 imali uglavnom slične prosečne vrednosti sadržaja ulja, ujedno bliske i opštem proseku. Četiri spoljašnje sredine ispoljile su različit interakcijski uticaj na genotipove ispitivane u njima. Najveći interakcijski skor utvrđen je za genotipove ispitivane u Pančevu u toku 2012. godine i Zemun Polju u toku 2011. godine. Izrazita stabilnost sadržaja ulja utvrđena je za genotipove ispitivane u Zemun Polju 2012. i Pančevu 2011. godine. Agrometeorološki uslovi u dve navedene sredine pogodovali su stabilnoj reakciji genotipova u pogledu promena sadržaja ulja.

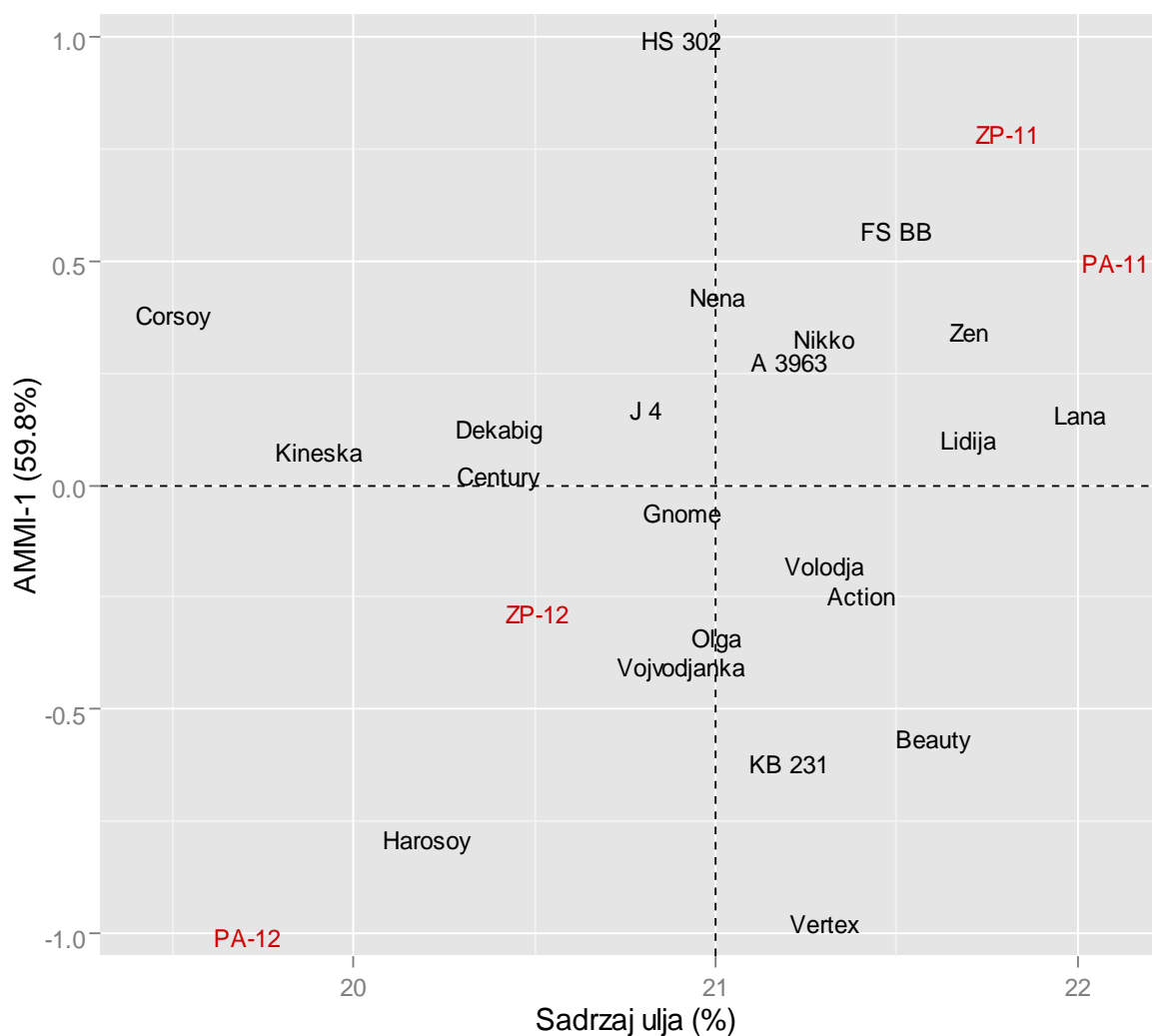
Najveći broj genotipova imao je vrednost osobine iznad opšteg proseka, razlikuju i se po vrednosti interakcijske komponente. Najveću stabilnost pokazali su genotipovi ispod proseka (Laura) i iznad proseka vrednosti sadržaja ulja (A 1937). Moguće izvore germplazme za poboljšanje sadržaja ulja u zrnju oplemenjivanjem predstavljaju genotipovi koji su sintetisali veću količinu ulja u zrnju i nisu pokazali značajno variranje u zavisnosti od promene faktora spoljašnje sredine (A 1937, Hodgson 78 i Shine).



Grafikon 35: AMMI-1 biplot za sadržaj ulja genotipova soje GZ I (ZP-Zemun Polje, PA-Pan evo, 11 i 12 – godine izvo enja ogleda)

Grupa zrenja II

AMMI-1 modelom je objašnjeno 59,8% varijacije sume kvadrata interakcije genotipa i spoljašnje sredine za sadržaj ulja genotipova soje grupe zrenja II (grafikon 36). Utvr ene su razlike u glavnim efektima spoljašnjih sredina, pri emu su genotipovi ispitivani u toku 2011. godine na oba lokaliteta imali sli nu prose nu vrednost sadržaja ulja, i ujedno zna ajno ve u prose nu vrednost osobine u odnosu na genotipove ispitivane u Zemun polju i Pan evu u toku 2012. godine.

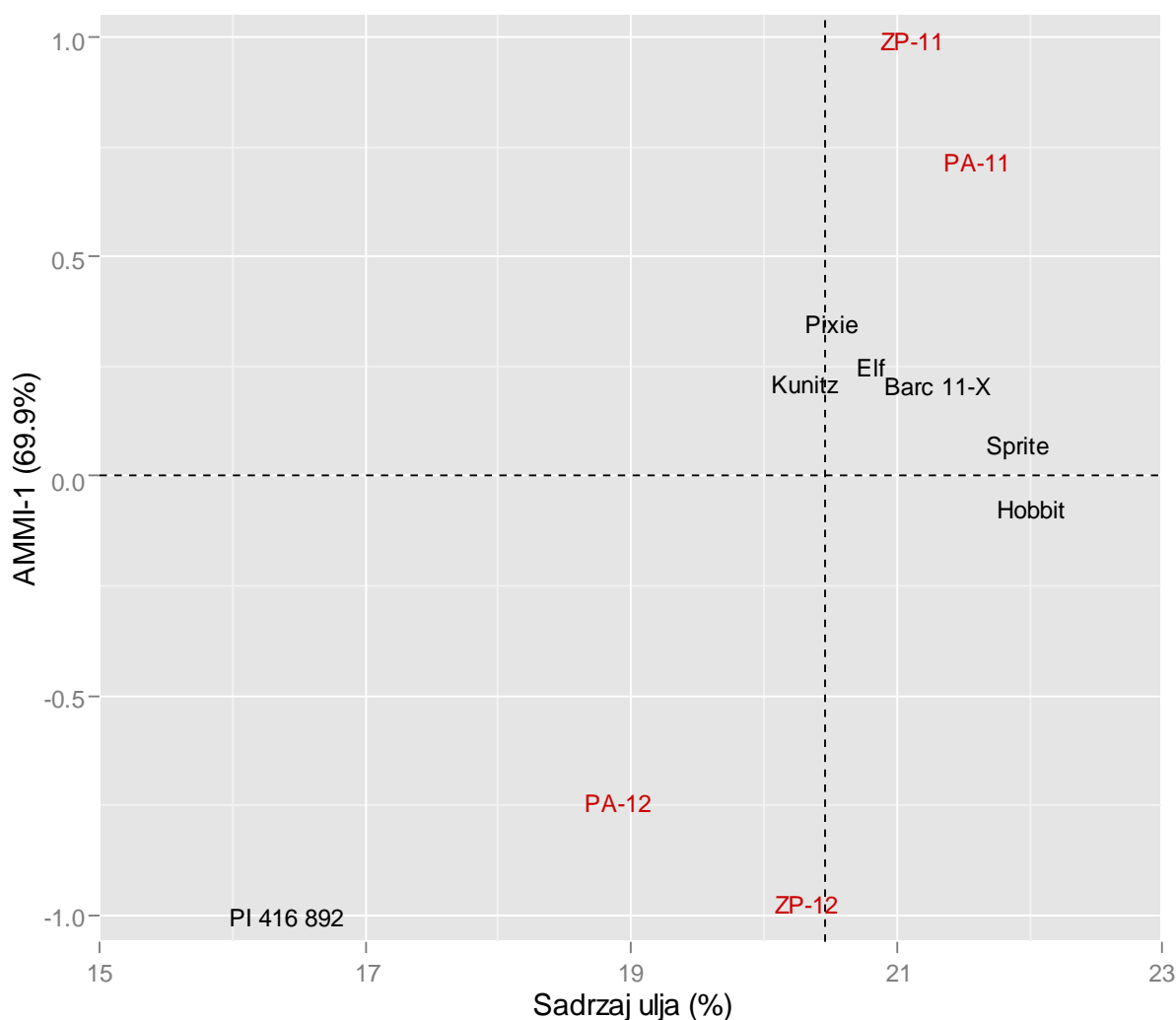


Grafikon 36: AMMI-1 biplot za sadržaj ulja genotipova soje GZ II (ZP-Zemun Polje, PA-Pan evo, 11 i 12 – godine izvo enja ogleda)

Najmanju interakciju sa faktorima sredine pokazali su genotipovi ispitivani u Zemun Polju 2012. godine, a najve u genotipovi ispitivani na lokalitetu Pan evo u toku iste godine. Genotipovi su se veoma razlikovali prema prose nom sadržaju ulja i reakciji na promene u uslovima spoljašnjih sredina u kojima su ispitivani. Mali broj genotipova sa sadržajem ulja ispod opšteg proseka bio je pozicioniran blizu linije stabilnosti i pokazao manje variranje u zavisnosti od agroekoloških uslova (Kineska, Dekabig, Century, J 4, Gnome). Doma i genotipovi Lana i Lidija odlikuju se veoma visokim i stabilnim sadržajem ulja, pa su zna ajan izvor germplazme za oplemenjivanje na poboljšan hemijski sastav zrna, kao i Genotip Volo a sa iznad-prose nom vrednoš u osobine, i umerenom vrednoš u interakcije.

Grupa zrenja III

Kod genotipova GZ III, AMMI-1 modelom objašnjeno je 69,9% sume kvadrata interakcije genotipa i spoljašnje sredine za sadržaj ulja u zrnu (grafikon 37). Razlike u glavnim efektima ispitivanih spoljašnjih sredina nisu bile velike, s obzirom da su sredine imale vrednost sadržaja ulja oko opšteg proseka, ali je njihov interakcijski uticaj na genotipove bio uglavnom različit.



Grafikon 37: AMMI-1 biplot za sadržaj ulja genotipova soje GZ III (ZP-Zemun Polje, PA-Pan evo, 11 i 12 – godine izvođenja ogleda)

Pozitivan interakcijski efekat pokazali su genotipovi ispitivani na dve lokacije u toku 2011. godine, dok je negativna interakcija utvrđena za genotipove ispitivane na obe

lokacije u toku 2012. godine. etiri genotipa (Pixie, Kunitz, Elf i Barc 11-X) su imali vrednost sadržaja ulja u nivou ili malo iznad opšteg proseka, i manje su se razlikovali po interakcijskoj komponenti. Poseban značaj u selekciji na poboljšanje sadržaja ulja u zrnu imaju genotipovi sa najvećom prosečnom vrednošću u osobine koji su pokazali i najstabilniju reakciju na promene u spoljašnjoj sredini (Sprite i Hobbit).

Iako je sadržaj ulja genetički determinisana osobina i smatra se sortnom karakteristikom, svega 50% ukupne varijacije sadržaja ulja je rezultat genotipa (Brumm i Hurburgh, 2002), dok se preostali deo varijabilnosti pripisuje dejstvu faktora spoljašnje sredine, na prvom mestu temperature i obezbeđenosti vlagom, kao i interakciji genetičkih i agroekoloških faktora (Vollmann i sar., 2000a; Popović i sar., 2013; Ukić i sar., 2009b). Proučavanjem interakcije genotip \times spoljašnja sredina za sadržaj ulja bavio se manji broj autora, primenjujući i različite modele. Primenjujući model linearne regresije, Balešević-Tubić i sar. (2011) su ispitivali stabilnost sadržaja ulja kod 13 genotipova soje u dve grupe sredina. Identifikovali su genotipove stabilnog sadržaja ulja kroz sve sredine, te genotipove različite adaptacije na povoljne odnosno nepovoljne uslove u svakoj grupi sredina. Sudarić i sar. (2006a) su, primenom istog modela, utvrdili da su genotipovi prosečnog sadržaja ulja bili uglavnom i najstabilniji, te da su genotipovi ispodprosečnog sadržaja ulja pokazali najveću nestabilnost, ali dobru prilagođenost sredinama nepovoljnih klimatskih uslova.

Sagledavanjem glavnih efekata četiri sredine, uočava se da je kod genotipova svih grupa zrenja najveći i prosečan sadržaj ulja sintetisan u toku 2011. godine, pri čemu je na lokaciji Pančevo ostvaren veći i prosečan sadržaj ulja u odnosu na lokaciju Zemun Polje. Godina 2011. pogodovala je sintezi ulja zahvaljujući i znatno povoljnijim uslovima u odnosu na 2012. godinu. U drugoj godini ispitivanja došlo je do pojave ekstremne suše na obe lokacije, koja se karakterisala tri puta manjom sumom padavina na lokaciji Zemun Polje, odnosno četiri puta manjom sumom padavina na lokaciji Pančevo u odnosu na 2011. godinu, kao i u proseku za 2°C većim srednjim dnevnim temperaturama u junu, julu i avgustu u odnosu na 2011. godinu. Bellaloui i sar. (2013) ističu da sorte različitih grupa zrenja pokazuju različitu osetljivost na pojavu suše u periodu nalivanja zrna, pa tako kod sorti ranije vegetacije nedostatak vode izaziva drastično smanjenje ulja, dok temperatura ima efekat tek sa povećanjem preko 36°C, a kod sorti kasnije vegetacije povećanje temperature dovodi do porasta sadržaja ulja, dok

vodni deficit nema uticaja na koncentraciju ulja u zrnu. Za razliku od prethodne studije, ovo istraživanje pokazuje drugačije rezultate. Vodni deficit i ekstremno visoka temperatura 2012. godine izazvala smanjenje sadržaja ulja na obe lokacije kod svih grupa zrenja. Genotipovi kraće vegetacije (GZ 00-0) pokazali su relativno manju redukciju u odnosu na genotipove kasnijih grupa zrenja (GZ I-III), što je u skladu sa navodima Dardanelli i sar. (2006) da sorte kraće vegetacije imaju veću stabilnost sadržaja ulja. Ove sorte ranije i brže prolaze kroz reproduktivni razvoj, uključujući i fazu naliivanja u kojoj se odvijaju sinteze u zrnu, i tako izbegavaju period nepovoljnih meteoroloških uslova, kada je mogućnost pojave suše najveća. Sadržaj ulja se povećava sa porastom temperature od 15°C do 28°C (Wilson, 2004), kada dostiže svoj maksimum (Piper i Boote, 1999), dok temperature preko navedene favorizuju sintezu proteina (Gibson i Mullen, 1996), iako je koncentracija obrnuto korelisana sa sadržajem ulja. Dornbos i Mullen (1992) pronalaze da u uslovima vodnog deficita, sadržaj ulja opada linearno sa porastom temperature, i da smanjenje može iznositi i do 12% u uslovima ekstremne suše. Deficit vlage prateći visokim T°C u fazi naliivanja zrna skraćuje period naliivanja i smanjuje sadržaj ulja i do 35% (Rotundo i Westgate, 2009).

Rang glavnih efekata svih spoljašnjih sredina bio je isti kod genotipova tri grupe zrenja (GZ I-III). U toku 2012. godine, sintetisan je sadržaj ulja ispod opšteg proseka, pri čemu je na lokaciji Pančevo konstatovana niža vrednost osobine, iako je suma padavina za jun, jul i avgust bila veća nego na lokaciji Zemun Polje. Sličan trend ispoljio je i prinos zrna, koji je bio veći na lokaciji Zemun Polje u odnosu na Pančevo u toku 2012. godine. Navedeno se može objasniti prvenstveno nestabilnom reakcijom genotipova kasnijih grupa zrenja u pogledu sadržaja ulja u zrnu, što je u skladu sa navodima Dardanelli i sar. (2006), kao i specifičnim agroekološkim uslovima na pomenutoj lokaciji koji ne uključuju samo meteorološke faktore, već i tip zemljišta i nivo primenjene agrotehnike (Vollmann i sar., 2000a).

Kod genotipova kraće vegetacije (GZ 00 i GZ 0) primećuje se izmena ranga lokacija u 2012. godini u odnosu na rang koje su imale kod GZ I-III, tako da je manji sadržaj ulja sintetisan na lokaciji Zemun Polje u odnosu na Pančevo. Već količina padavina u julu u 2012. godini evidentirana na lokaciji Pančevo pogodovala je sortama kratke vegetacije, s obzirom da su se u tom periodu uglavnom nalazile u fazi naliivanja zrna, najznačajnijoj za odvijanje sinteza u zrnu soje (Blanuša i sar., 2000).

Razlike u prose nom sadržaju ulja genotipova GZ 0-III ispitivanih u istoj godini na razli itim lokacijama bile su manje od razlika utvr enih kod genotipova testiranih na istoj lokaciji u razli itim godinama. Isto zaklju uju i Sudari i sar. (2003), utvrdivši da je sadržaj ulja bio sli an kod genotipova soje testiranih u istoj godini na razli itim lokacijama, dok se prosek po godinama u okviru lokacija zna ajno razlikovao. Sudari i sar. (2006a) isti u da je u varijaciji sadržaja ulja uzrokovanoj faktorima sredine, efekat godine višestruko ve i od efekta lokacije.

Uvidom u glavne efekte ZP-11 i PA-11, može se zaklju iti da su genotipovi ispitivani u toku 2011. godine na dve lokacije pokazali uglavnom sli an sadržaj ulja u svim grupama zrenja, a sagledavanjem vrednosti i predznaka interakcijskih komponenti dve navedene sredine, uo ava se da su, osim kod GZ I, obe sredine pokazale sli an uticaj na genotipove.

U svakoj grupi zrenja identifikovan je ve i broj genotipova iznadprose nog sadržaja ulja i zadovoljaju e stabilnosti. Poseban zna aj imaju genotipovi sa maksimalnom vrednoš u osobine i izuzetno stabilnom reakcijom kroz sve sredine (Agassiz, Julijana, Lana, Hobbit i Sprite), kao poželjan izvor germplazme za oplemenjivanje na pove an sadržaj ulja u zrnu.

5.3. Geneti ka divergentnost genotipova soje na osnovu SSR markera

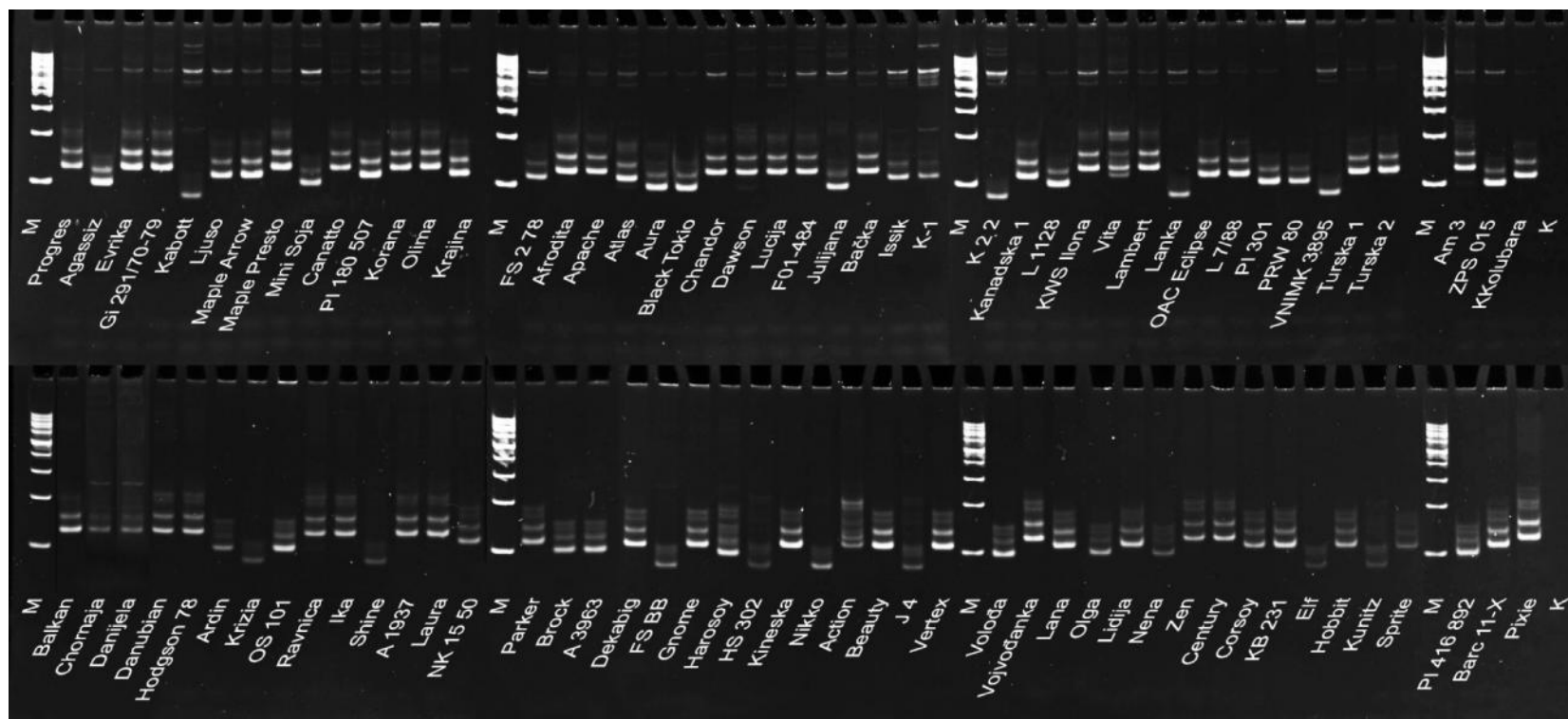
5.3.1. Polimorfizam SSR lokusa

Analiza geneti kog diverziteta 90 genotipova soje izvršena je pomoću 21 SSR prajmera, raspoređenih na 20 grupa vezanih gena (Cregan i sar., 1999).

Svi prajmeri generisali su jasne DNK profile zadovoljavajućeg intenziteta traka. Proizvodi amplifikacije tri prajmera (Satt127, Satt172 i Satt192) bili su monomorfni, daju identične DNK profile kod svih proučavanih genotipova.

Broj fragmenata dobijenih amplifikacijom kretao se od 2 (Satt127, Satt406, Satt228, Satt308, Satt 232, Satt172, Satt192, Satt225, Satt045, Satt191, Satt194, Satt002) do 6, koliko je dobijeno prajmerom Satt114 (slika 4). Prosečan broj traka po prajmeru iznosio je 2,8. Rezultati studija SSR polimorfizma kod soje uglavnom iznose različite vrednosti za prosečan broj traka po prajmeru, u zavisnosti od seta korišćenih prajmera i materijala koji se ispituje. Azijske kolekcije germplazme soje (Cho i sar., 2008; Guo i sar., 2014; Li i sar., 2011; Wang i sar., 2008; Yoon i sar., 2009) reflektuju veći diverzitet (prosečan broj alela po lokusu 14-19) u poređenju sa ostalim svetskim kolekcijama za koje je utvrđen prosečan broj alela između 3,5 i 10,4 (Fu i sar., 2007; Hudcovicova i Kraic, 2003; Priolli i sar., 2010; Singh i sar., 2010; Torres i sar., 2015).

Ukupan broj amplifikovanih fragmenata iznosio je 59, od čega je 51 (86,44%) bilo polimorfno. Visoke vrednosti polimorfizma SSR markera (preko 85%) referišu i drugi autori (Narvel i sar., 2000; Hudcovicova i Kraic, 2003; Tantasawat i sar., 2011; Singh i sar., 2010), zaključuju i da su SSR markeri informativno i efikasno sredstvo u proučavanju diverziteta soje. Komparativne studije efikasnosti različitih marker sistema u proceni diverziteta soje isti u značajno veći polimorfizam SSR markera u odnosu na RAPD (Doldi i sar., 1997), RFLP (Powell i sar., 1996) i AFLP markere (Singh i sar., 2010), kao i da su u poređenju sa ostalim tipovima markera SSR najbolje usaglašeni sa podacima o pedigreu (Giancola i sar., 2002). Cregan i sar., (1994) navode da su SSR lokusi uglavnom selektivno neutralni, pa utvrđivanje geneti kog diverziteta populacije na osnovu njihove frekvencije daje precizniju sliku o diferencijaciji i varijaciji u populaciji.



Slika 4. DNK profili 90 genotipova soje dobijeni markerom Satt114; M-marker (100 bp DNK ladder); K- uzorak bez DNK

5.3.2. Klaster analiza

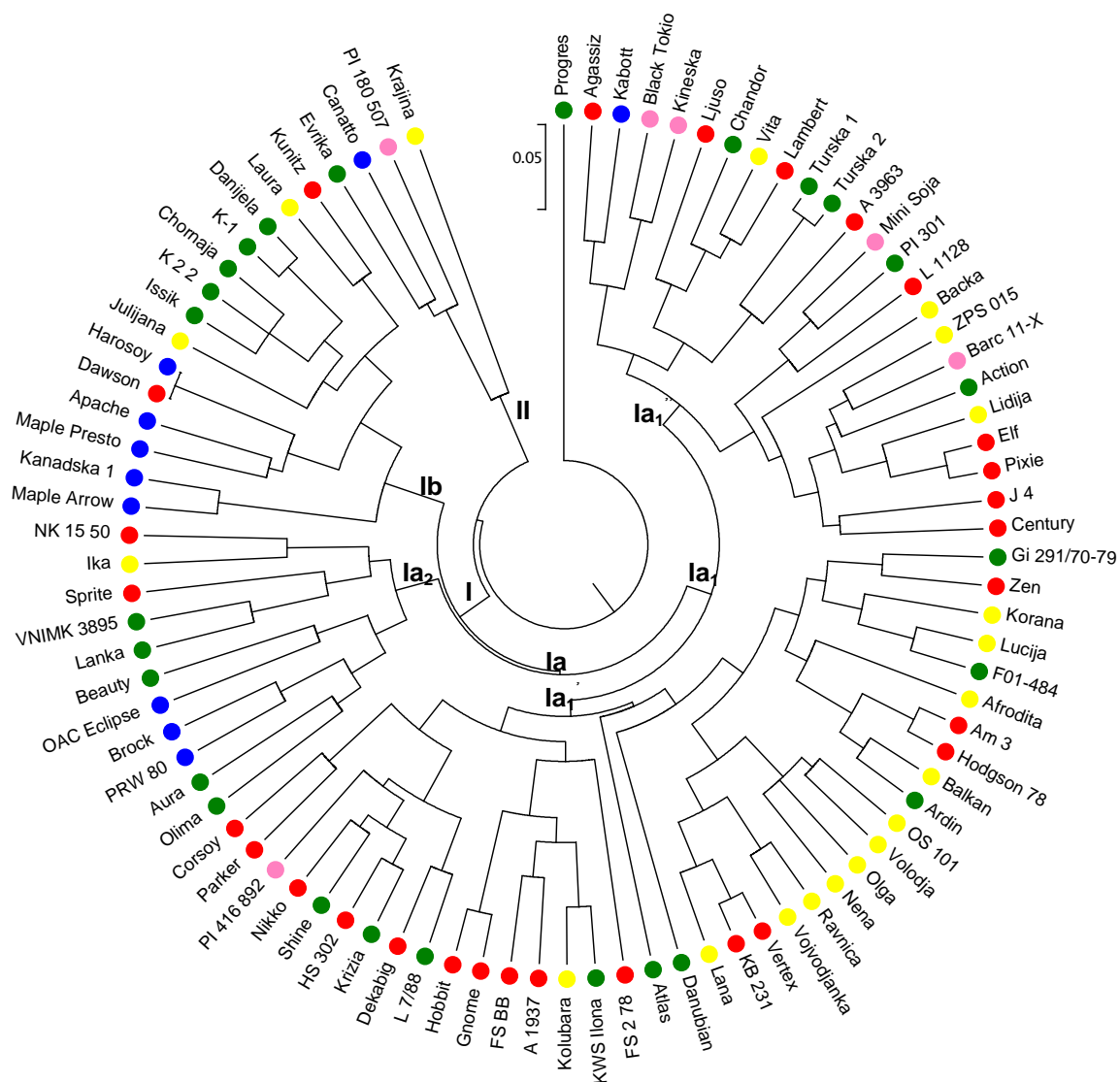
U cilju sagledavanja geneti ke srodnosti 90 genotipova soje procenjene na osnovu polimorfizma SSR markera, za parove posmatranih genotipova izra unati su *simple matching* koeficijenti sli nosti (Sokal i Michener, 1958) i transformisani u geneti ke distance, koje su prikazane u prilogu 5.

Najmanje vrednosti geneti ke udaljenosti utvr ene su izme u genotipova Dawson i Harosoy (GD=0,000), a potom i izme u genotipova Turska 1 i Turska 2 (GD=0,170). Najve e vrednosti geneti ke distance utvr ene su za par Maple Arrow - Dekabig (0,627), kao i par PI 180 507 - Am 3, i par Kanadska 1 - Gnome (0,593). Prose na distanca svih parova genotipova bila je relativno niska (0,317) i u saglasnosti sa rezultatima manjeg broja autora koji su prou avali SSR polimorfizam soje (Ristova i sar., 2010; Iquira i sar., 2010; Narvel i sar., 2000) Ve i broj studija referiše vrednosti prose ne distance ve e od 0,5 (Giancola i sar., 2002; Doldi i sar., 1997), dok se najve e prose ne vrednosti distance pronalaze u analizama divergentnog materijala velikih kolekcija (Singh i sar., 2010) ili azijskih kolekcija germplazme (Kuroda i sar., 2009; Yoon i sar., 2009; Dong i sar., 2014).

Matrice geneti kih distanci poslužile su za konstruisanje dendrograma prema UPGMA metodi (slika 5). U strukturi dendrograma, uo ava se grupisanje najve eg broja genotipova u glavnom klasteru (I), kojem je na ve oj udaljenosti pridružena manja grupa ozna ena kao klaster II. Genotip Progres figuriše kao nezavisan u odnosu na glavni klaster.

Glavna grupa genotipova (I) dalje se diferencira na dva podklastera – Ia i Ib. U okviru podklastera Ia figurišu subklasteri Ia₁ i Ia₂. Subklaster Ia₁ je podeljen na dve grupe genotipova - Ia₁' i Ia₁". U okviru Ia₁' grupe uo ava se podela na dve podgrupe. Manje brojnu podgrupu ini 16 genotipova od ega je 10 poreklom iz USA. S obzirom da su za ve inu genotipova iz ove podgrupe nepotpuni podaci o pedigreu, mogu se uo iti samo dva para blisko pozicioniranih genotipova povezanih po pedigreu. Ameri ka sorta Corsoy preko potomaka je povezana sa sortom Parker a genotipovi Hobbit i Gnome vode poreklo iz istog ukrštanja (tabela 1). Ve a podgrupa Ia₁' grupe sastoji se iz 21 genotipa, od kojih je ve ina (12) doma eg porekla (Srbija i Hrvatska) i najbolje reflektuje geneti ku sli nost genotipova srodnih po pedigreu i sli nost genotipova poreklom iz istog oplemenjivackog programa. Genotipovi Afrodita,

Ravnica, Vojvo anka, F 01-484 i Hodgson 78 vode poreklo od ameri ke sorte Hodgson. Linija OS 101 je roditeljska komponenta sorti Olga i Nena, a po pedigreu srodna i genotipu Julijana. Genotipovi Lana i Vertex vode poreklo od potomaka ameri ke sorte Williams. Pedigre podaci rumunskih sorti Danubian i Atlas ukazuju na zajedni kog roditelja-sortu Tewels, a genotip F 01-484 vodi poreklo od sorte Danubian.



Slika 5. Dendrogram UPGMA klaster analize 90 genotipova soje na osnovu SSR markera (oznake genotipova prema geografskom poreklu: žuta – Srbija i Hrvatska, crvena – USA, zelena – Evropa i Evroazija, plava – Kanada, roza – Kina i Japan).

Na osnovu rasporeda genotipova u dve podgrupe u okviru Ia₁” grupe ne može se jasno uoiti geografski model geneti ke varijacije, s obzirom da su podgrupe konstituisane od genotipova razli itog porekla. Uoava se, me utim, blisko grupisanje genotipova iz istih oplemenjivakih programa kao i grupisanje genotipova sli nog pedigreea. Tako su se dva egzoti na genotipa Kineska (Kina) i Black Tokio (Japan) grupisala blizu stare kanadske sorte Kabott koja je selekcija iz mandžurijske linije introdukovane 1933. godine u Kanadu (Bernard i sar., 1988). Ameri ki genotipovi Lambert i Agassiz grupisali su se na nešto ve oj udaljenosti ali u okviru iste podgrupe Ia₁” grupe, a vode poreklo od potomaka ameri ke sorte Evans. Genotipovi istog geografskog porekla Turska 1 i Turska 2, koji su pokazali i visok nivo morfološke sli nosti (slika 1), grupisali su se u neposrednoj blizini.

U okviru druge podgrupe Ia₁” grupe genotip ZPS 015, dobijen iz populacije nastale ukrštanjem 39 genotipova, me u kojima najve i broj ine kineske preda ke introdukcije (Specht i sar., 1985), pozicioniran je u blizini egzoti nog genotipa Barc 11-X koji predstavlja selekciju iz ukrštanja genotipa Hobbit i japanske linije Shakujo fascijatnog tipa stabla (Leffel i sar., 1994). Genotip Barc 11-X je istovremeno srodan i sa sortama Elf, Pixie i Lidija, blisko grupisanim na dendrogramu. Navedena etiri genotipa vode poreklo od ameri ke sorte Williams - direktno ili preko njenih potomaka.

Podklaster Ia₂ se sastoji od 11 genotipova razli itog geografskog porekla. Uoava se izvesna pravilnost u grupisanju pojedinih genotipova poreklom iz istog regiona, tako da su tri kanadska genotipa (OAC Eclipse, Brock i PRW 80), dva nema ka (Aura i Olima) i dva ruska (VNIMK 3895 i Lanka) blisko pozicionirana na dendrogramu. Ovakav model grupisanja delimi no je saglasan sa rezultatima Fu i sar. (2007) koji su SSR analizom utvrdili da su kanadske sorte više povezane sa germplazmom iz severoisto ne Evrope (Rusija, Švedska, Ukrajina) nego sa azijskim introdukcijama. Pedigre podaci sorti OAC Eclipse i Sprite, koje su se grupisale na nešto ve oj udaljenosti ali u istom podklasteru, ukazuju da su ova dva genotipa u polusrodstvu, kao direktni potomci sorte Williams.

Podklaster Ib obuhvatio je 14 genotipova, pretežno kanadskog (5) i evropsko-evroazijskog porekla (5). Dva kanadska genotipa - Apache i Maple Arrow grupisala su se u blizini genotipa Harosoy, koji je direktno ili preko potomaka u estvovao u njihovom stvaranju. Blisko grupisanje sorti Maple Arrow i Maple Presto je bilo

o ekivano, s obzirom da predstavljaju polusrodnike (zajedni ki roditelj švedska introdukcija Holmberg 840-7-3). Na dendrogramu se uo ava i grupisanje genotipova poreklom iz Bugarske (Chornaja i Danijela) sa genotipovima iz Kazahstana (K-1, K 2 2 i Issik). Sorta Kunitz, roditeljska komponenta sorte Laura grupisala se u njenoj neposrednoj blizini. Sorte Harosoy i Dawson nisu se razlikovale na geneti kom nivou, što se donekle objašnjava njihovom povezanoš u preko genotipa Hodgson, kao indirektnog potomka sorte Harosoy. Pretpostavlja se da bi analiza sa ve im brojem markera verovatno omogu ila njihovu identifikaciju.

Klaster II, koji je na ve oj udaljenosti povezan sa klasterom I, ine 4 genotipa. Sorta Canatto u srodstvu je sa sortom Evrika preko potomaka kanadskog genotipa Harosoy. Istovremeno, sorta Canatto se svrstala u blizini kineske introdukovane linije PI 180 507, što bi se moglo objasniti delimi nim u eš em germplazme divlje soje u geneti koj osnovi sorte Canatto i injenicom da linija PI 180 507 predstavlja kinesku lokalnu populaciju.

Analizom strukture grupisanja u odnosu na pedigree podatke utvr en je odre eni nivo saglasnosti izme u svrstavanja genotipova u grupe i srodnosti na osnovu pedigreea. Sli no rezultatima drugih autora koji su prou avali diverzitet genotipova soje molekularnim markerima, saglasnost se pretežno odnosila na pojedina ne parove ili manje grupe genotipova u okviru subklastera ali ne i na gupe u celini (Tantasawat i sar., 2011; Doldi i sar., 1997; Hudcovicova i Kraic, 2003; Ristova i sar., 2010). Neusaglašenost je utvr ena i za pojedine parove genotipova koji dele istu geneti ku osnovu, a u klasteru su se pozicionirali na ve oj udaljenosti.

Odsustvo konzistencije u grupisanju genotipova u odnosu na pedigree nije bilo iznena uju e. Kao prvi razlog može se navesti injenica da za odre en broj genotipova nisu bili poznati podaci o pedigreeu. Dalje, sli na roditeljska kombinacija ne obezbe uje nužno i geneti ku sli nost potomstva, jer kontinuirani proces samooplodnje propa en fenotipskom selekcijom može dovesti do veoma razli ite propocije roditeljskog genoma u geneti koj osnovi potomstva (Giancola i sar., 2002). Fu i sar. (2007) isti u da izostanak modela grupisanja saglasnog pedigreeu može biti rezultat injenice da su ispitivani genotipovi odabrani da prezentuju divezitet razli itih perioda selekcije, što se donekle može uporediti i sa ovim istraživanjem, koje je obuhvatilo kako stare ameri ke sorte i azijske introdukcije, tako i materijal dobijen u savremenim programima.

Analiziraju i srodnost brazilskih sorti pomoću koeficijenta srodstva i 27 mikrosatelita, Priolli i sar. (2010) su utvrdili nisku ali značajnu korelaciju između koeficijenata srodnosti na osnovu SSR markera i koeficijenata srodstva, zaključuju i da su navedeni parametri pouzdani pokazatelji genetičke udaljenosti samo u slučaju kompletiranih pedigree podataka i dovoljnog broja markera.

Generalno posmatrano, grupisanje genotipova je pokazalo određeni nivo saglasnosti sa podacima o geografskom poreklu. Iako se ne može uočiti jasna diferencijacija na glavne grupe prema regionima porekla, pojedine manje grupe se odlikuju većom brojnošću u genotipova iz istog geografskog regiona. Tako se izdvajaju klasteri Ia₂ i Ib sačinjeni pretežno od kanadskih i evropsko-evroazijskih genotipova, a u okviru klastera Ia₁ dve grupe - grupa predominantno domaćih genotipova i grupa koju čine pretežno američki genotipovi.

Poučavanjem literature, dolazi se do zaključka da u modelu grupisanja genotipova u različitim kolekcijama dominira geografska komponenta molekularnog diverziteta, koja se ogleda u tendenciji grupisanja genotipova iz istog geografskog regiona u manje ili više homogene grupe (Dong i sar., 2014; Abe i sar., 2003; Yamanaka i sar., 2007; Mulato i sar., 2010). Ovakav trend grupisanja objašnjava se činjenicom da oplemenjivačke ustanove koriste mali deo raspoloživog materijala iz lokalnih kolekcija, kao i da je u lokalnim oplemenjivačkim programima sve češća praksa ukrštanja u okviru elitnih linija nastalih u dugom procesu fenotipske selekcije, koje su adaptirane na specifične uslove određenog geografskog regiona i stoga prilično genetički uniformne (Carter i sar., 2004). Time se potvrđuje zaključak Qiu i sar. (2011) da su najveći selekcionirajući uticaj u prirodnoj i veštačkoj selekciji soje imale dužina fotoperioda i temperaturna suma, koje široko variraju u različitim arealima gajenja soje, i ključni su faktor u adaptaciji genotipova na uslove u određenom geografskom regionu, kreiranju njihove genetičke i fenotipske strukture, i diferencijaciji genotipova u odnosu na geografsko poreklo (Wang i sar., 2008).

Saglasnost strukture grupisanja genotipova sa podacima o geografskom poreklu ukazuje na relativno ograničenu diskriminacionu moć 21 SSR markera u razlikovanju fenotipski sličnih genotipova iz istih geografskih regiona. Iako SSR lokusi detektuju alele koji su različiti po stanju i reflektuju evoluciju neutralnih alela u odsustvu selekcionog pritiska (Priolli i sar., 2010), veštačka selekcija utiče na smanjenje njihovog

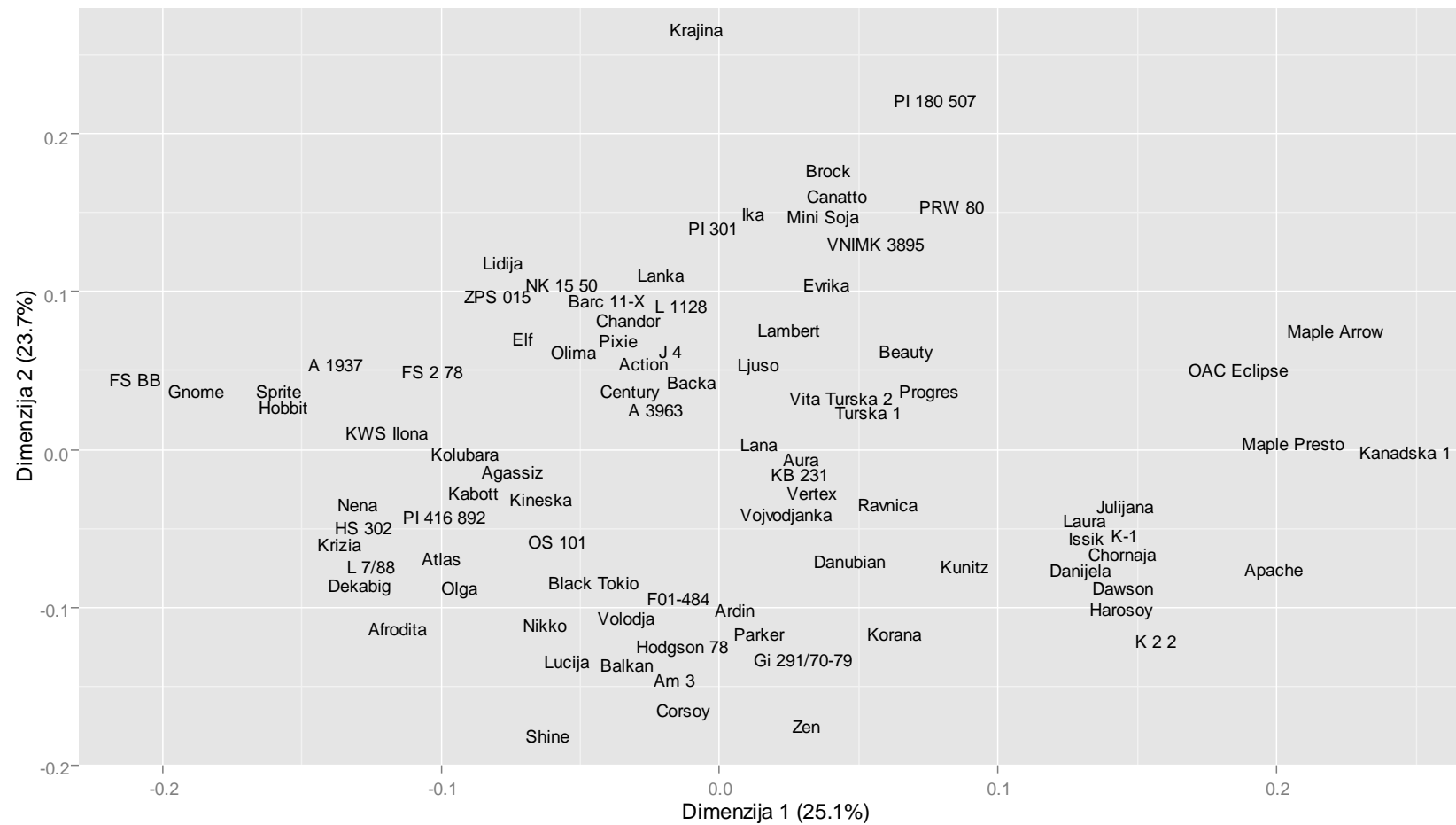
diverziteta pogledaju i lokuse ciljanih osobina, time se povećava frekvencija poželjnih alela u populaciji, i gube neutralne sekvence u blizini alela koje favorizuje selekcija (Zhao i sar., 2015). U budućim istraživanjima diverziteta soje, analizu bi trebalo sprovesti sa većim brojem SSR markera, dobre pokrivenosti genoma i većim rezolucije.

5.3.3. Analiza glavnih koordinata (PCoA)

U analizi glavnih koordinata 90 genotipova soje na osnovu SSR markera (grafikon 38), prva i druga osa objasnile su ukupno 48,8% genetičke varijabilnosti sadržane u originalnom setu podataka. Objasnjeni procenat varijabilnosti znatno je veći u odnosu na rezultate drugih istraživanja (Fu i sar, 2007; Iquiria i sar., 2010).

Grupisanje genotipova na osnovu analize glavnih koordinata pokazalo je saglasnost sa modelom grupisanja na osnovu klaster analize, što potvrđuju i rezultati prethodnih istraživanja (Hegay i sar., 2014; Li i sar., 2010b). Grupe sastavljene od pretežno domaćih, američkih ili kanadskih genotipova koje su se diferencirale u klaster analizi uočavaju se i na grafikonu PCoA analize. Manja odstupanja u grupisanju u odnosu na klaster analizu utvrđena su samo za pojedine parove genotipova i mogu se pripisati razlici u metodi dve multivarijacione statističke procedure primenjene na isti set podataka. Sličan model geografske distribucije diverziteta soje u PCoA analizi na osnovu molekularnih markera utvrdili su i drugi autori (Dong i sar., 2014; Fu i sar, 2007; Li i Nelson 2001).

Genotipovi sličnog pedigrea koji su se grupisali blisko na dendrogramu, pokazuju i određeni nivo asocijacije na grafikonu PCoA analize. Ipak, pojedini parovi genotipova za koje je klaster analiza pokazala saglasnost grupisanja u odnosu na pedigre (Kunitz - Laura, ili Afrodita – Vojvoda i Afrodita - Ravnica), bili su razdvojeni na PCoA grafikonu. S druge strane, nekoliko genotipova srodnih po pedigreu, razdvojenih u klaster analizi, blisko su grupisani na dijagramu (Sprite - Hobbit i Gnome). U izboru multivarijacione metode za proučavanje diverziteta, Odong i sar. (2011) ipak preporučuju UPGMA klaster kao najprecizniji metod za utvrđivanje genetičke strukture u kolekcijama gemplazme.



Grafikon 38. Analiza glavnih koordinata (PCoA) geneti ke strukture 90 genotipova soje na osnovu SSR markera

5.3.4. Analiza molekularne varijanse

Radi preciznijeg sagledavanja geneti ke varijacije u okviru prou avanih 90 genotipova soje, geneti ki diverzitet i diferencijacija genotipova ispitivana je za 5 geografskih grupa na osnovu regiona njihovog porekla. Doma i genotipovi (DOM) obuhvatili su 20 varijeteta selekcionisanih na teritoriji Srbije i Hrvatske; evropska i evro-azijska grupa (EEA) obuhvata 26 genotipova poreklom iz Poljske, Francuske, Nema ke, Italije, Rumunije, Bugarske, Turske, Rusije i Kazahstana; kanadska grupa (CAN) sastoji se od 10 genotipova poreklom iz Kanade; ameri ku grupu (USA) ini 28 genotipova poreklom iz Sjedinjenih Ameri kih Država, dok je grupa egzoti nih (EGZ) predstavljena sa 6 genotipova iz Kine i Japana.

Analiza molekularne varijanse (AMOVA) primenjena je kako bi se ispitala distribucija geneti ke varijacije izme u i u okviru svih 5 geografskih grupa (tabela 21). Iako je utvr ena statisti ki visoko zna ajna diferencijacija ($p < 0,001$) izme u geografskih grupa, njen doprinos ukupnoj varijaciji iznosio je svega 6,1%, dok se znatno ve e variranje pripisuje diferencijaciji u okviru grupa (93,9%).

Tabela 21: Analiza molekularne varijanse genotipova soje 5 geografskih grupa na osnovu polimorfizma SSR markera

Izvor varijacije	d.f.	Komponenta varijanse	%	$ST^{\#}$	$P^{\#}$
Izme u grupa	4	0.008	6.1	0.061	0.000
Unutar grupa	85	0.125	93.9		

[#] izra unato na osnovu 1000 permutacija

Veliki procenat unutar grupne varijacije (93,9%) i mali procenat varijacije izme u grupa (6,1%), ukazuje na slabu diferencijaciju izme u grupa i u saglasnosti je sa rezultatima brojnih studija u kojima me ugrupno variranje iznosi manje od 10% ukupne varijacije (Priolli i sar., 2013; Sun i sar., 2013; Guo i sar., 2012). Populacija pokazuje slabiju strukturu (manje je diferencirana) ukoliko njene sub-populacije (grupe) dele ve i broj zajedni kih alela (Li i sar., 2010a). Visoka diferenciranost sub-populacija ukazuje na ograni en protok gena izme u njih (Guo i sar., 2012), koji nastaje kao rezultat geografske ili izolacije usled neprilago enosti odre enim ekološkim uslovima, pri emu kod soje najve u ulogu igra fotoperiodska osetljivost (Guan i sar., 2010). Prema Priolli i

sar. (2013), savremeno oplemenjivanje omogućava razmenu materijala između različitih oplemenjivanih programa, što rezultira većom proporcijom varijabilnosti koja je uzrokovana razlikama u okviru grupe, nego razlikama između posmatranih grupa.

Ispituju i 5 geografskih grupa u okviru INRA kolekcije germplazme soje SSR analizom, Tavaud-Pirra i sar. (2009), su na osnovu vrednosti F statistike (F_{ST} vrednosti kretale su se od 0,02 do 0,04) zaključili ili da geografsko poreklo nije umnogome uticalo na genetičku strukturu kolekcije. SSR analizom 45 kanadskih i 37 egzotičnih sorti Fu i sar. (2007) utvrdili su da je 90% ukupnog diverziteta rezultat unutargrupne varijacije. Slične vrednosti pokazatelja diferencijacije ($F_{ST}=0,11$) dobili su i Iquira i sar. (2010), ispituju i polimorfizam SSR markera kod 100 kanadskih komercijalnih sorti i 200 genotipova iz različitih regiona sveta. Lee i sar. (2014) su, ispituju i molekularni diverzitet genotipova soje poreklom iz Kine, Japana, Koreje i Jugoistočne Azije, utvrdili 13% varijacije između geografskih grupa, zaključuju i da ispitivani set pokazuje veliku geografsku diferencijaciju. Generalno, većinu ugrupno variranje referišu autori studija koje proučavaju diverzitet azijskih kolekcija germplazme (Guan i sar., 2010; Abe i sar., 2003), što je i očekivano s obzirom da Azija predstavlja centar genetičkog diverziteta soje. U navedenim studijama, najveći deo ukupne varijacije (12,2%) pripisuje se razlikama između kineskih i japanskih genotipova, istovremeno potvrđuju i pretpostavke Li i Nelson (2001) da kineski i japanski genetički fond predstavljaju dva nezavisna genetička izvora. Visoka postojala unutar-grupna varijabilnost utvrđena u ovom istraživanju (93,9%) ukazuje da u okviru svake geografske grupe još uvek postoji zadovoljavajući nivo genetičke varijabilnosti koja može biti upotrebljena u daljem programu oplemenjivanja (Fu i sar., 2009).

AMOVA je poslužila i za utvrđivanje međugrupne genetičke distance kao mere ukupne SSR varijacije sadržane između bilo koje dve geografske grupe. Upoređivanja parova geografskih grupa izvršena su na osnovu F_{ST} (indeks genetičke diferencijacije) koji predstavlja standardizovanu interpopulacionu distancu između dve geografske grupe, i mera je korelacije gena različitih individua u jednoj populaciji (Chen i Nelson, 2005). Prema Hartl i Clark (1997), diferencijacija može biti slaba ($F_{ST}<0,05$), umerena ($0,05<F_{ST}<0,15$), velika ($0,15<F_{ST}<0,25$) i veoma velika ($F_{ST}>0,25$).

Vrednosti indeksa diferencijacije 10 parova geografskih grupa kretale su se od 0,01 do 0,195 (tabela 22). Visoko statistički značajna diferencijacija ($p<0,001$) utvrđena

je za parove CAN vs. DOM i CAN vs. USA, a zna ajna ($p < 0,05$) za parove CAN vs. EEA, CAN vs. EGZ, i DOM vs. EGZ. Ostali parovi geografskih grupa (DOM vs. EEA, DOM vs. USA, EEA vs. EGZ, EEA vs. USA i EGZ vs. USA) nisu pokazali jasnu geneti ku diferencijaciju

Tabela 22: Pore enja parova geografskih grupa na osnovu ST vrednosti iz AMOVA-e

Parovi grupa	Izvor varijacije	d.f.	Komponenta varijanse	%	ST	$P^{\#}$
CAN vs. DOM	Izme u grupa	1	0.028	19.2	0.192	0.000
	Unutar grupa	28	0.119	80.8		
CAN vs. EEA	Izme u grupa	1	0.013	9.2	0.091	0.002
	Unutar grupa	34	0.133	90.8		
CAN vs. EGZ	Izme u grupa	1	0.016	11.5	0.115	0.046
	Unutar grupa	14	0.129	88.5		
CAN vs. USA	Izme u grupa	1	0.028	19.5	0.195	0.000
	Unutar grupa	36	0.119	80.5		
DOM vs. EEA	Izme u grupa	1	0.003	2.7	0.027	0.053
	Unutar grupa	44	0.129	97.3		
DOM vs. EGZ	Izme u grupa	1	0.013	9.5	0.094	0.018
	Unutar grupa	24	0.123	90.5		
DOM vs. USA	Izme u grupa	1	0.001	1.0	0.010	0.236
	Unutar grupa	46	0.118	99.0		
EEA vs. EGZ	Izme u grupa	1	0.002	1.7	0.016	0.262
	Unutar grupa	30	0.137	98.3		
EEA vs. USA	Izme u grupa	1	0.002	1.8	0.017	0.103
	Unutar grupa	52	0.127	98.2		
EGZ vs. USA	Izme u grupa	1	0.002	2.1	0.021	0.226
	Unutar grupa	32	0.122	97.9		

[#]izra unato na osnovu 1000 permutacija; $p < 0,001$ - visoko statisti ki zna ajno, $p < 0,05$ - statisti ki zna ajno

Kanadski genotipovi pokazali su statisti ki zna ajan i istovremeno najve i stepen diferencijacije u odnosu na sve ispitivane grupe. Ove sorte jedinstvene su po svojoj geografskoj i klimatskoj adaptaciji (prilago ene regionima ve ih geografskih širina i hladnijeg klimata) pokrivaju i uzak opseg grupa zrenja (Fu i sar. 2007; Iquira i sar., 2010), i kao takve imaju druga iju geneti ku osnovu u odnosu na ve inu genotipova ostalih geografskih grupa, koji se uglavnom odlikuju dužom vegetacijom. Stoga je logi na njihova zna ajna diferencijacija u odnosu na ostale grupe. Kanadski genotipovi su pokazali najmanju diferencijaciju u odnosu na grupu EGZ, obzirom da su lokalne azijske populacije u velikoj meri doprinele njihovom stvaranju (Shurtleff i Aoyagi, 2010; Hahn i Wurshum, 2014) što donekle otkrivaju i pedigree podaci (tabela 1).

Doma i genotipovi pokazali su najmanji stepen diferencijacije u odnosu na genotipove USA grupe, s obzirom da uglavnom vode poreklo od američkih introdukovanih linija Severne kolekcije germplazme soje (Miladinović i sar., 2006b; Vratari, 1986). Istovremeno, nisu se značajno diferencirali u odnosu na EEA grupu, što ukazuje na postojanje razmene materijala u okviru širokog regiona Evrope. Umerena diferenciranost domaćih i egzotičnih genotipova (0,094; $p < 0,05$) je otkrivena, ali se uzima u obzir uslovno, imajući u vidu da je grupa EGZ bila sačinjena od svega 6 genotipova.

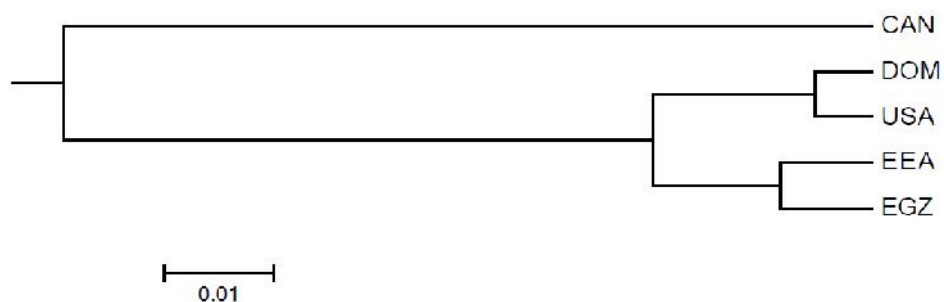
Evropski i evroazijski genotipovi (EEA) pokazali su slab stepen diferencijacije kako u odnosu na egzotične, tako i u odnosu na američke genotipove. Ovakvi rezultati su otkriveni, s obzirom da je grupa EEA najbrojnija grupa, geografski i genetički veoma heterogena, i da je u formiranju genotipova iz ove grupe verovatno najveći doprinos imala germplazma poreklom iz Amerike, koja i sama vodi poreklo od azijskih populacija. EEA grupom obuhvaćeni su i ruski genotipovi, za koje se prema (1978) pretpostavlja da vode poreklo od starih američkih sorti. Druga dva rezultata dobili su Tavaud-Pirra i sar. (2009), utvrdivši da je najveći stepen diferencijacije bio prisutan između azijskih genotipova sa jedne i evropskih linija i severnoameričkih predačkih genotipova sa druge strane. Hahn i Wurschum (2014) ističu da su genotipovi centralne Evrope genetički udaljeni od kineskih i američkih linija, a srodni sa genotipovima iz Kanade i Švajcarske, što je i otkriveno obzirom na usku adaptaciju na severne geografske širine i hladnije regione. Druga dva rezultata dobijeni u ovom radu u odnosu na prethodnu studiju mogu se objasniti činjenicom da je grupa EEA predominantno sačinjena od genotipova iz regiona zapadne i jugoistočne Evrope, dok svega nekoliko genotipova potiče iz centralne Evrope.

Odsustvo diferencijacije između američkih (USA) i kineskih i japanskih genotipova (EGZ) dobijeno u ovom radu trebalo bi smatrati uslovnim, pošto se grupa EGZ sastojala od svega 6 genotipova, te ne može biti pravi reprezent diverziteta kineske i japanske germplazme. Odsustvo diferencijacije referišu i Li i sar (2001), koji su analizom molekularne varijanse utvrdili da nema signifikantne razlike u genetici strukturi severno-američkih predačkih genotipova i genotipova iz severne Kine, sa dominantnim učestvovanjem u njihovom stvaranju. Prethodni navodi u saglasnosti su sa rezultatima Gizlice i sar. (1994), koji su, analizom pedigreea sorti soje severnoameričke

kolekcije germplazme soje, došli do zaključka da svega 35 predačkih genotipova (azijske lokalne populacije) doprinosi 95% genetičke osnove kolekcije. Za razliku od prethodnih autora, Ude i sar. (2003) su, analizirajući i diverzitet sorti soje iz Kine, Japana i Severne Amerike i američkih predačkih genotipova primenom AFLP markera, utvrdili znatno veće meugrupno variranje u odnosu na variranje unutar grupa i jasan obrazac geografske distribucije varijacije u klaster analizi. Iako američke sorte vode poreklo od kineskih i japanskih genotipova, decenije adaptacije na kontrastne klimatske uslove dva geografska regiona i kontinuirani oplemenjivački napor rezultirali su razvojem specifičnih genetičkih fondova u svakoj zemlji.

Utvrdjivanje modela ekogeografske distribucije genetičke varijacije u određenoj kolekciji ima primenu u pravilnijem rukovođenju resursima i njihovom efikasnijem iskorišćavanju, tako što se, pri izboru genotipova za formiranje *core* kolekcije, geografski region koristiti kao kriterijum za podelu kolekcije na setove (Chen i Nelson, 2005). S druge strane, nizak nivo diferencijacije između grupa i slična genetička struktura u subkolekcijama, koju su u istraživanju korejskih populacija otkrili Yoon i sar. (2009), ukazuje na moguće prisustvo velikog broja dupliciranih uzoraka među kolekcijama, navodeći autore na zaključak da svaka kolekcija verovatno uključuje celokupnu varijabilnost sadržanu u korejskim lokalnim populacijama.

Dendrogram na osnovu $_{ST}$ matrice distanci prema UPGMA metodi konstruisan je u cilju grafičke prezentacije genetičke povezanosti 5 geografskih grupa genotipova (slika 6). Na dendrogramu se uočava jasna diferencijacija kanadskih genotipova od genotipova ostalih geografskih grupa, te blisko grupisanje domaćih i američkih, kao i egzotičnih i evropsko-evroazijskih genotipova. Interpretacija odnosa među grupama prikazanih na dendrogramu data je u prethodnom tumačenju rezultata AMOVA-e.



Slika 6: UPGMA dendrogram odnosa između 5 geografskih grupa genotipova soje na osnovu $_{ST}$ matrice iz AMOVA – e (tabela 22)

5.4. Saglasnost rezultata morfološke deskripcije, evaluacije agronomskih osobina i molekularne karakterizacije genotipova soje

Uvidom u srednje vrednosti genetičkih distanci izmeđ u genotipova dobijenih na osnovu morfoloških, agronomskih i molekularnih markera, može se zaključiti da je najmanja prosečna udaljenost utvrđena na osnovu agronomskih osobina (0,244), nešto veća na osnovu molekularnih markera (0,317), a najveća na osnovu morfoloških deskriptora (0,517).

Najmanji diverzitet genotipova soje utvrđen na osnovu agronomskih osobina donekle je bio i očekivan, s obzirom da su ispitivani genotipovi pripadali uskom opsegu grupa zrenja (00-III), broj ispitivanih agronomskih značajnih osobina bio je relativno mali (svega 8) i među njima postoji najčešće visoka korelaciona zavisnost. Procene diverziteta na osnovu agronomskih osobina baziraju se na različitim nivoima genske ekspresije funkcionalnih delova genoma koji kodiraju fenotipske karakteristike, reflektuju i polimorfizam u usko određenim regionima koji su podvrgnuti selekciji (Volmann i sar., 2005). Iako ove osobine pokrivaju svega mali deo ukupne genetičke varijacije, procene diverziteta dobijene na osnovu njih od najvećeg su značaja za proces oplemenjivanja i rukovođenja genetičkim resursima (Volmann i sar., 2005).

Diverzitet genotipova soje utvrđen na osnovu morfoloških deskriptora bio je veći u odnosu na diverzitet na molekularno-genetičkom nivou. Studije drugih autora koji su koristili veći broj molekularnih markera i manji broj morfoloških deskriptora pokazuju drugačije rezultate (Giancola i sar., 2002; Smykal i sar., 2009). Veći morfološki diverzitet utvrđen u ovom istraživanju može se objasniti činjenicom da je analizom 16 morfoloških deskriptora dobijeno 56 fenotipskih kategorija, koje uglavnom odgovaraju alelima mono- ili oligogeno determinisanih kvalitativnih osobina, od kojih su sve ispoljile polimorfizam, dok je analizom pomoću 21 SSR markera dobijeno ukupno 59 traka, od kojih je 51 traka bila polimorfna (86,44%). Deskriptori korišćeni u ovom radu deo su DUS protokola za identifikaciju i diferencijaciju sorti soje i pretpostavka je da ispoljavaju visok polimorfizam. Osim toga, u radu su analizirane ne samo komercijalne sorte i elitne linije, već i introdukovana germplazma egzotičnog porekla, specifične morfologije, koja je doprinela većem stepenu morfološkog diverziteta.

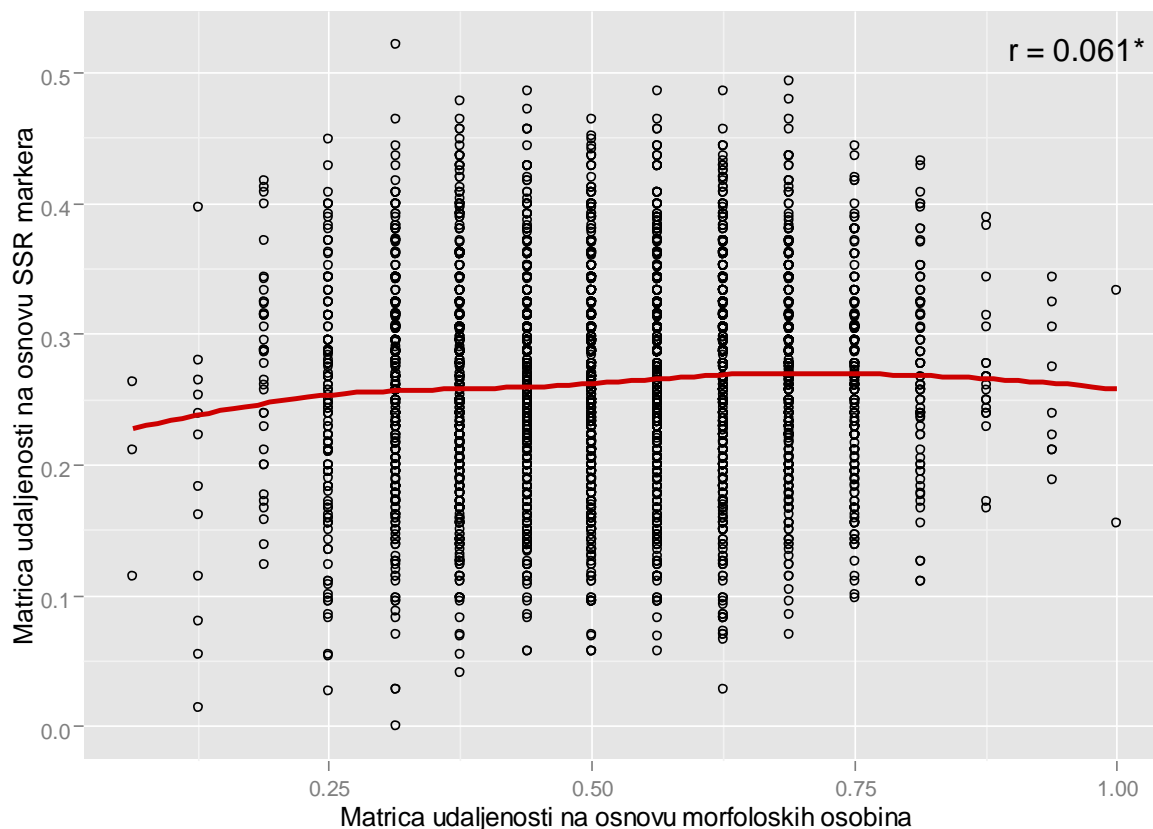
Iako se očekivalo da će molekularni markeri diferencirati genotipove soje na većem stepenu genetičke udaljenosti u poređenju sa fenotipskim osobinama, prosečne distance dobijene molekularnim markerima pokazuju suprotno. Niska vrednost prosečne distance dobijene na osnovu SSR analize može se objasniti sa jedne strane relativno malim brojem molekularnih markera korišćenih u ovom radu, i sa druge, velikom srodnošću u ispitivanog materijala. Iako brojne studije navode preciznost, polimorfizam i visoku rezoluciju SSR markera (Cregan i sar., 1994), u ovom radu su SSR markeri pokazali umerenu diskriminacionu moć, što se najbolje vidi na primeru genotipskog para Harosoy-Dawson, gde SSR markeri nisu uspeali da identifikuju razlike na nivou genoma, iako su genotipovi ispoljili umerene fenotipske razlike, kako prema 16 morfoloških deskriptora ($GD=0,313$), tako i prema 8 agronomski značajnih osobina ($GD=0,178$). S druge strane, nekoliko parova genotipova (Apache-Harosoy, Bačka-Kolubara, Harosoy-KB 231) gotovo identičnih morfoloških profila ($GD=0,063$), kao i parova veoma sličnih morfoloških profila (Evrika-Turska 1, Lana-Lidija) pokazali su značajne razlike genetičkih profila dobijenih primenom 21 SSR markera.

Mantel-ov test (Mantel, 1967) je statistički test za utvrđivanje korelativnih odnosa između mera genetičke i fenotipske sličnosti, koji se često koristi u studijama genetičkog i morfološkog diverziteta različitih biljnih vrsta (Giancola i sar., 2002; Dodig i sar., 2010; Li i sar., 2010b). Utvrđivanje pozitivne korelacije genetičkih i fenotipskih distanci omogućava efikasnu upotrebu morfoloških osobina u rutinskoj evaluaciji oplemenjivog materijala, bez nužnog korišćenja laboratorijskih metoda (Fufa i sar., 2005).

Mantel-ov test primenjen je za analizu korelacije 3 tipa matrica udaljenosti: matrica udaljenosti na osnovu SSR markera i morfoloških deskriptora, matrica udaljenosti na osnovu SSR markera i agronomskih osobina, i matrica udaljenosti na osnovu morfoloških deskriptora i agronomskih osobina.

Na osnovu pozitivne, statistički značajne ($p<0,05$) korelacije između u matrice udaljenosti dobijene molekularnom analizom i matrice udaljenosti prema morfološkim deskriptorima (grafikon 39), moglo bi se zaključiti da su genotipovi sličnih SSR profila istovremeno pokazali i određenu morfološku sličnost. Međutim, mora se imati u vidu da je vrednost koeficijenta korelacije bila veoma niska ($r=0,061$), saglasno rezultatima studija diverziteta soje (Giancola i sar., 2002) i drugih samooplodnih leguminoza u

kojima je korelacija matrica morfoloških i molekularnih distanci analizirana *Mantel*-ovim testom (Smykal i sar., 2008; Hegay i sar., 2014; Ghalmi i sar., 2010).

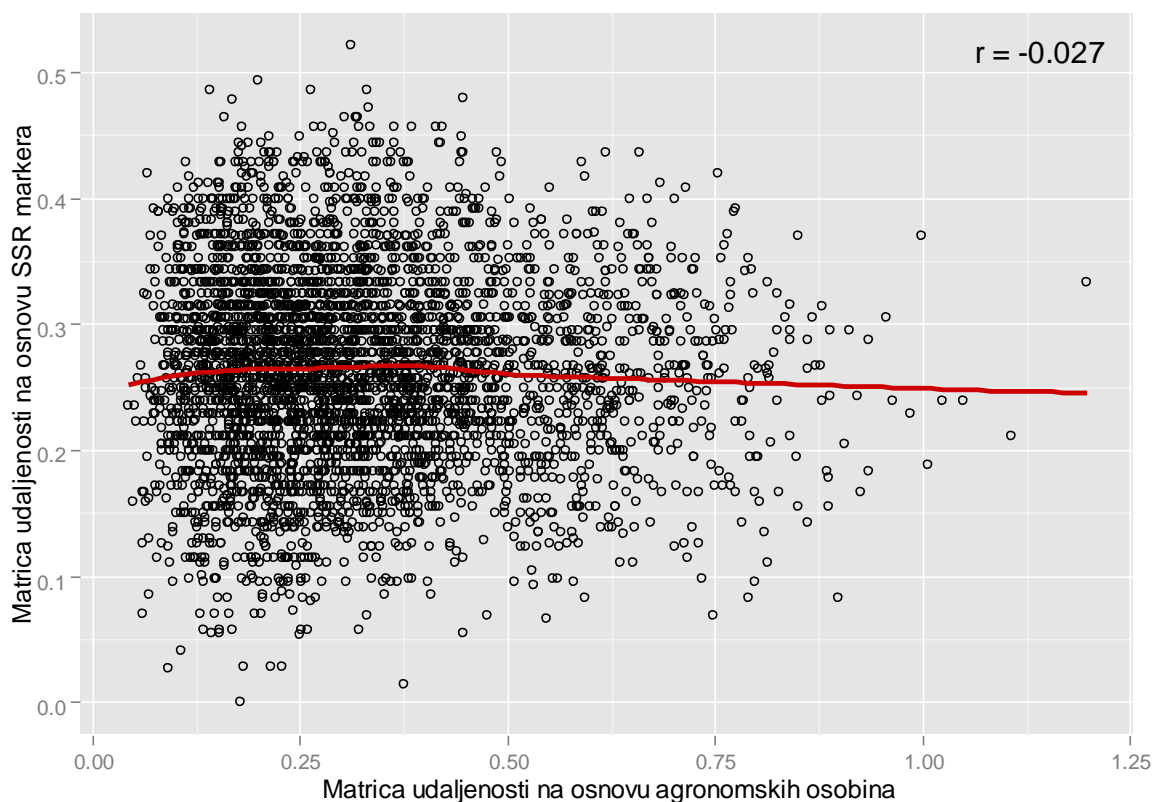


Grafikon 39: Korelacija između matrica udaljenosti dobijenih na osnovu SSR markera i morfoloških deskriptora 90 genotipova soje (oblik zavisnosti prikazan je pomoću lokalne neparametarske LOESS regresije)

Analizirajući i stepen saglasnosti molekularnih i morfoloških distanci, Giancola i sar. (2002) dovode u pitanje pouzdanost dobijenog koeficijenta, s obzirom da je u analizu uključeni i manji broj kvantitativnih osobina (masa 1000 zrna i grupa zrenja), koje se karakterišu aditivnom prirodom nasleđivanja, zavise od faktora spoljašnje sredine (imaju nisku heritabilnosti) i nisu međusobno nezavisne varijable, pa su distance procenjene na osnovu njihovih najvećih opterećenja velikom greškom. Morfološki deskriptori proučavani u ovom radu predstavljaju pretežno kvalitativne osobine, koje imaju monogenu ili oligogenu genetičku determinaciju (Lynch i Walsh, 1998), uticaj sredine na njihovu ekspresiju je zanemarljiv, i između njih nema međuzavisnosti. Stoga

se korelacija dobijena u ovom radu može smatrati pouzdanim pokazateljem nivoa molekularne i morfološke povezanosti.

Primenom *Mantel*-ovog testa utvrđena je nesignifikantna ($p < 0,05$) i negativna korelacija između u matrica udaljenosti dobijenih na osnovu molekularnih markera i matrica udaljenosti na osnovu 8 agronomskih osobina 90 genotipova soje (grafikon 40).



Grafikon 40: Korelacija između u matrica udaljenosti dobijenih na osnovu SSR markera i agronomskih osobina 90 genotipova soje (oblik zavisnosti prikazan je pomoću lokalne neparametarske LOESS regresije)

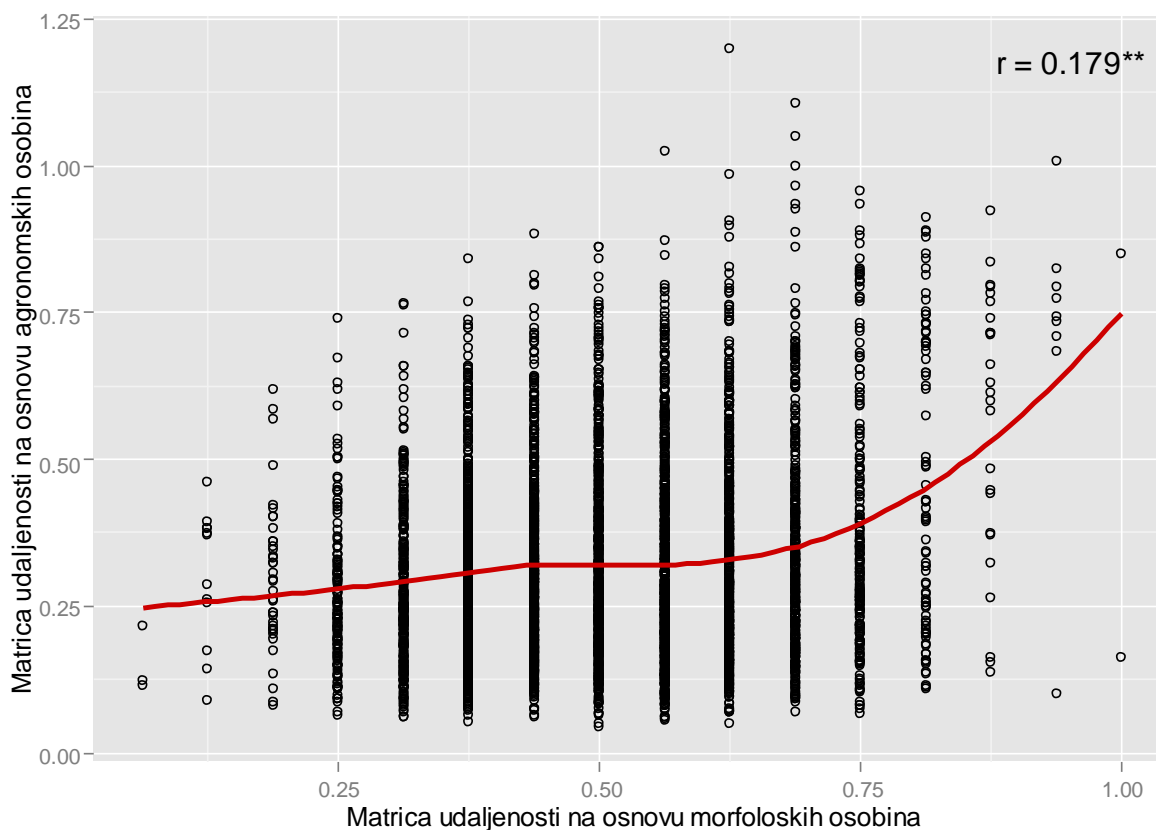
Dobijena korelacija ukazuje da genotipovi koji ispoljavaju veliku fenotipsku sličnost ne moraju biti i genetički slični, kao što i različiti genetički fondovi mogu kreirati fenotipski slične sorte (Roldan-Ruiz i sar., 2001). Nekonzistentnost između u srodnosti genotipova procenjene genetičkim markerima i agronomskim osobinama objašnjava se na tri načina. SSR markeri reflektuju genetičku varijabilnost u nekodirajućim regionima DNK i verovatno imaju minimalan uticaj na kvantitativne fenotipske osobine. Stoga je relacija između u distanci na osnovu kvantitativnih osobina i distanci na osnovu SSR markera uslovljena odsustvom ili prisustvom veze (*linkage disequilibrium*) između u

markera i lokusa kvantitativnih osobina. U slučaju *linkage disequilibrium*-a, posebno ako su dva genotipa slična po pedigreu, može se očekivati jaka asocijacija između dva tipa matrica (Burstin i Charchosset, 1997). Sličnost zaključuju i Roldan-Ruiz i sur. (2001), ističući da je visoka saglasnost između udaljenosti procenjenih navedenim tipovima markera istovremeno i naznaka veoma ograničenog genetičkog fonda, jer takvi genotipovi verovatno dele istu genetičku osnovu i/ili potiču iz programa sa istim ciljevima selekcije. Niska korelacija između udaljenosti na osnovu genetičkih markera i agronomskih osobina može se pripisati i prirodi nasleđivanja agronomskih osobina, koje su determinisane velikim brojem gena i njihovom interakcijom, prisutan je jak uticaj faktora spoljašnje sredine na njihovu ekspresiju (Lynch i Walsh, 1998) i između njih najčešće postoji visoka biološka povezanost. Stoga udaljenosti na osnovu kvantitativnih osobina ne predstavljaju pouzdan pokazatelj genetičke udaljenosti genotipova (Corrado i sur., 2009). Konačno, veći broj analiziranih fenotipskih osobina značajno povećava pouzdanost rezultata (Maccaferri i sur., 2007; Rebourg i sur., 2001), čime se može objasniti odsustvo značajnosti korelacije dobijene u ovom radu, s obzirom da je u analizi učestvovalo svega 8 agronomskih osobina.

Između matrica udaljenosti na osnovu morfoloških deskriptora i agronomskih osobina utvrđena je visoko značajna ($p < 0,01$) pozitivna korelacija (grafikon 41), ukazujući da su genotipovi sličnih profila morfoloških deskriptora pokazali u izvesnoj meri i slične agronomске karakteristike. Ovakvi rezultati nisu bili očekivani, s obzirom da dva seta podataka (morfološki deskriptori i agronomске osobine) predstavljaju uglavnom nezavisne varijable između kojih nema genetičke i biološke povezanosti. Odabir genotipova sličnih profila morfoloških deskriptora ne znači istovremeno i njihovu agronomsku sličnost.

Kod pojedinih biljnih vrsta, kao što je npr. ovas, kvalitativni morfološki deskriptori u najvećoj meri određuju biološki razvoj pa tako i agronomski značajne osobine (Souza i Sorrells, 1991a,b) što kod soje nije slučaj. Izuzetak predstavlja morfološki deskriptor tip porasta stabla, koji u manjoj meri indirektno utiče na komponente prinosa, ali se pretpostavlja da je uticaj 15 ostalih deskriptora ublažio uticaj navedenog deskriptora na korelaciju između morfološke i agronomске sličnosti, o čemu svedoči i utvrđena korelacija, koja je iako statistički značajna, bila istovremeno i niska. Praktični značaj pozitivne korelacije između dva tipa matrica sastoji se u mogućnosti

kombinovane analize agronomskih i morfoloških podataka, ukoliko ona obezbe uje bolju procenu geneti ke povezanosti genotipova (Mohammadi i Prasanna, 2003; Franco i sar., 2001).



Grafikon 41: Korelacija izme u matrica udaljenosti dobijenih na osnovu morfoloških deskriptora i agronomskih osobina 90 genotipova soje (oblik zavisnosti prikazan je pomo u lokalne neparametarske LOESS regresije)

Niska korelacija izme u molekularnih markera sa jedne i morfoloških deskriptora i agronomskih osobina sa druge strane, mogla bi navesti na zaklju ak da fenotipske osobine, kvantitativne i kvalitativne, ne mogu poslužiti kao pouzdan pokazatelj geneti kog diverziteta genotipova soje. Ograni en broj fenotipskih markera, nizak polimorfizam, ekspresija pod uticajem faktora spoljašnje sredine, selekcion pritisak, subjektivnost posmatra a, ograni enja uspostavljenog sistema ocena i nesavršenost merenja argumenti su brojnih autora koji fenotipske markere smatraju nepouzdanim (Roldan-Ruiz i sar., 2001; Smykal i sar., 2008) ili u najboljem slu aju samo indirektnim pokazateljima geneti kog diverziteta (Giancola i sar., 2002). S druge

strane, visok polimorfizam SSR markera, njihovo obilje i široka pokrivenost genoma, injenica da su uglavnom izvan direktnog uticaja faktora selekcije, kao i velika reproducibilnost rezultata dobijenih njihovom primenom, ini molekularne markere nezamenjivim sredstvom za identifikaciju genotipova, kvantifikovanje geneti kog diverziteta u populaciji i ta nu procenu geneti kih odnosa u njoj (Cregan i sar., 1994; Yoon i sar., 2009). Posebnu prednost molekularnih markera predstavlja njihova mo rezolucije, koja je ve a i u odnosu na SNP markere (Li i sar., 2010a), daju i mogu nost razlikovanja fenotipski sli nih genotipova što je od posebnog zna aja za geneti ke fondove ograni ene varijabilnosti. Ipak, Babi i sar. (2011) navode da e se trend koriš enja morfoloških osobina u deskripciji i prou avanju diverziteta kolekcija sigurno nastaviti, pogotovu kada se radi o obimnom materijalu i materijalu o kojem se malo zna. Sli no zaklju uju i Dong i sar. (2004) navode i da se uticaj spoljašnje sredine na fenotipske markere upravo normalizuje evaluacijom velikog broja uzoraka.

Na osnovu rezultata ovog istraživanja, moglo bi se generalno zaklju iti da tri marker sistema daju razli ite informacije o nivou geneti kog diverziteta u kolekciji ali i da svaki sistem pokazuje relativnu saglasnost sa pedigree podacima. Stoga se može zaklju iti da pokazatelji molekularnog i fenotipskog diverziteta predstavljaju razli ite ali komplementarne informacije, pri emu svaka ima zna aj u oplemenjiva koj praksi.

Komplementarnu upotrebu razli itih marker sistema predlažu i Wang i sar. (2006a) prilikom izbora optimalne strategije uzorkovanja za formiranje *core* kolekcije. Autori isti u da izbor metoda za formiranje uzorka ne zavisi samo od geneti ke strukture biljne vrste ve i od tipa podataka. Ako se koriste samo podaci na osnovu SSR markera, prilikom izbora genotipova u okviru klastera akcenat bi trebalo da bude na genotipovima nosiocima agronomskih osobina klju nih za oplemenjivanje, i obrnuto – ako se koriste agronomski zna ajne osobine, potrebno je uzeti u obzir i pojedine specifi ne alele. Prethodni autori stoga naglašavaju da upotreba ve eg broja setova podataka (molekularni, agronomski) obezbe uje ve u reprezentativnost kolekcije.

Izbor materijala za budu a ukrštanja trebalo bi da bude zasnovan na genotipovima zadovoljavaju eg nivoa geneti kog diverziteta i poželjnih agronomskih karakteristika, što potvr uje tezu Wang i sar. (2006a) da je za efikasno koriš enje germplazme iz kolekcija i u krajnjem rezultatu – uspešno oplemenjivanje, neophodna evaluacija materijala i na geneti kom i na fenotipskom nivou.

6. ZAKLJUČAK

Na osnovu rezultata istraživanja izvedeni su sledeći zaključci:

➤ Prosečna vrednost *Shannon*-ovog indeksa diverziteta genotipova soje na osnovu 16 morfoloških deskriptora iznosila je 0,80, ukazujući na visok morfološki diverzitet proučavanih genotipova. Deskriptori najvećeg stepena diverziteta bili su boja malja, veličina bočne lisice, intenzitet boje mahune i sjaj semenjača, dok su deskriptori tip porasta, veličina semena i boja semenjača pokazali manji diverzitet kod genotipova.

➤ HOMALS analizom identifikovani su deskriptori velike diskriminativne moći, (boja hiluma, boja semenjača, boja malja, intenzitet boje mahune i u manjoj meri tip porasta stabla), koji se preporučuju za efikasnu morfološku identifikaciju i diferencijaciju sorti soje. Prema slici profila morfoloških deskriptora, genotipovi su grupisani u šest homogenih, jasno razdvojenih grupa. Struktura grupisanja pokazala je veći stepen saglasnosti sa podacima o pedigreu genotipova, nego sa podacima o geografskom poreklu. Ipak, konzistentno grupisanje u odnosu na pedigre konstatovano je samo na nivou pojedinih parova genotipova ali ne i grupa u celini.

➤ Klaster analiza genotipova soje na osnovu morfoloških deskriptora grupisala je genotipove prema boji cveta u dve jasno razdvojene grupe, u okviru kojih se diferencirao veći broj manje udaljenih i kompaktnih grupa prema tipu porasta stabla. Kao i kod HOMALS analize, model geografske distribucije varijabilnosti je izostao, s obzirom da se morfološki deskriptori slučajno kombinuju kod genotipova iz različitih oplemenjivačkih programa i različitih regiona jer najčešće nisu predmet selekcije. Iako je klaster analizom utvrđena slaba konzistencija grupisanja u odnosu na pedigre, navedena analiza je pokazala veći stepen saglasnosti sa pedigre podacima u odnosu na HOMALS analizu.

➤ HOMALS analiza se pokazala kao efikasniji metod za sagledavanje morfološke slike genotipova, obezbeđujući veći stepen izdvajanja genotipova u homogene grupe, identifikujući osobine sa najvećim doprinosom u razlikovanju genotipova, i omogućujući razlikovanje fenotipske slike genotipova koje je klaster analiza blisko grupisala.

➤ Analizom varijanse agronomski značajnih osobina, utvrđena je visoka statistička značajnost svih izvora varijacije kod genotipova svih grupa zrenja za sve osobine. Za visinu stabla i broj nodusa kod genotipova grupa zrenja 00,0, I i II spoljašnja sredina je bila dominantni izvor varijacije. U grupi zrenja III, najveći deo

varijacije navedenih osobina pripisuje se efektima genotipa. Variranje broja mahuna, broja zrna i prinosa zrna je kod svih grupa zrenja bilo predominantno uslovljeno faktorima spoljašnje sredine. Variranje mase 1000 zrna je kod genotipova grupa zrenja 00 i 0 najvećim delom bilo rezultat uticaja spoljašnje sredine, kod genotipova grupa zrenja I i II utvrđeno je isti efekat genotipa i spoljašnje sredine, dok se kod grupe zrenja III najveći deo variranja pripisuje genotipskim razlikama. U ukupnoj varijaciji sadržaja proteina kod genotipova grupe zrenja 00, genotip i spoljašnja sredina su podjednako učestvovali, dok je kod ostalih grupa zrenja spoljašnja sredina bila najvažniji izvor varijacije. Variranje sadržaja ulja kod genotipova grupe zrenja 00 bilo je rezultat približno jednakih efekata genotipa i spoljašnje sredine, dok je kod genotipova grupa zrenja 0, I i II utvrđeno najveći efekat spoljašnje sredine. Varijacija sadržaja ulja genotipova grupe zrenja III pretežno se pripisuje uticaju genotipa. Za sve osobine i grupe zrenja najmanji efekat je imala interakcija genotipa i spoljašnje sredine.

➤ Medijane vredine proučavanih agronomskih osobina uglavnom su se razlikovale među grupama zrenja. Za većinu osobina utvrđeni su veliki intervali varijacije, ukazujući na široko variranje agronomskih osobina genotipova u okviru pojedinačnih grupa zrenja.

➤ Grupisanje na osnovu agronomski značajnih osobina primenom PCA i klaster analize pokazalo je visoku saglasnost sa podacima o dužini vegetacije, potvrđujući i da je grupa zrenja najbolji indikator fenotipskog diverziteta genotipova soje. Grupisanje genotipova pokazalo je izvesni stepen saglasnosti i sa pedigree podacima, dok se geografska struktura grupisanja nije mogla utvrditi.

➤ Za sve grupe zrenja utvrđena je negativna korelacija sadržaja ulja i proteina, uz razlike u visini i značajnosti koeficijenta. Prinos zrna po biljci bio je u značajnoj negativnoj asocijaciji sa sadržajem proteina i pozitivnoj značajnoj korelaciji sa sadržajem ulja kod većine grupa. Značajnost, visina i smer povezanosti prinosa i komponenti prinosa varirala je zavisno od grupe zrenja, reflektujući i složene korelativne odnose između komponenti.

➤ U okviru grupe zrenja 00, sorte Korana, Ljuso i Krajina, imale su znatno veću broj mahuna i zrna od proseka grupe, visoku masu 1000 zrna i najveći prinos zrna, pri čemu su Sorte Korana i Krajina pokazale istovremeno i visoku stabilnost prinosa. Sorta Krajina je bila i intermedijarna po sadržaju proteina, pa se može koristiti za

oplemenjivanje na prinos, uz istovremeno održanje sadržaja proteina na zadovoljavajućem nivou. Genotip Kabott, ostvario je prosečan prinos zrna visoke stabilnosti, sintetisao visok i stabilan sadržaj proteina, pa je potencijalni izvor germplazme za oplemenjivanje na poboljšanje sadržaja proteina bez redukcije prinosa zrna. Genotip Canatto imao je visok i stabilan sadržaj proteina, ali se zbog niskog prinosa ne bi mogao koristiti u oplemenjivanju na obe osobine istovremeno. Iznad prosečan prinos zadovoljavajuće stabilnosti imali su i genotipovi Maple Presto, Olima, PI 180 507 i Evrika, pri čemu je genotip Maple Presto imao i visok i stabilan sadržaj ulja. Genotip Agassiz, odlikovao se maksimalnim i stabilnim sadržajem ulja, predstavljaju i mogu i izvor germplazme za oplemenjivanje na navedenu osobinu.

➤ U okviru GZ 0 identifikovani su genotipovi visokog sadržaja ulja i sadržaja proteina iznad proseka (Turska 2, Apache, Atlas i Lambert), koji mogu biti od značaja za oplemenjivanje na istovremeno povećanje obe komponente. Genotip sa najvećim sadržajem proteina zadovoljavajuće stabilnosti (K-1) imao je i najveće u masu 1000 zrna, ali je zbog niskog prinosa i sadržaja ulja, njegov oplemenjivački značaj ipak ograničen. Genotip K 2 2, intermedijaran za masu 1000 zrna, formirao je najveći i broj mahuna i zrna po biljci, i najveći i prinos zrna po biljci. Sorta Lanka imala je veću i broj mahuna, zrna i masu 1000 zrna u odnosu na prosek, kao i visok prinos zrna, dok je po sadržaju proteina bila intermedijarna, predstavljaju i koristan materijal za oplemenjivanje na prinos bez većeg redukcije sadržaja proteina. Sa oplemenjivakog aspekta, najznačajnije sorte grupe zrenja 0 bile su Afrodita, Chandor i PI 301, odlikuju se visokim prinosom velike stabilnosti, dok su genotipovi visokog sadržaja proteina zadovoljavajuće stabilnosti bili K-1, Kanadska 1 i FS 2 78. Sorta Julijana i F-01 484 imale su najveći i sadržaj ulja i nisku vrednost interakcije, predstavljaju i perspektivan po etni materijal za oplemenjivanje na povećan sadržaj ulja u zrnu.

➤ U grupi zrenja I, najveći i prinos zrna ostvario je genotip Balkan zahvaljujući većem broju mahuna i zrna po biljci u odnosu na prosek grupe. Sorte Brock i Parker, intermedijarne za broj zrna, formirale su veću i broj mahuna i masu 1000 zrna u odnosu na prosek, svrstavši se među najprinosnije genotipove. Sorta Laura, imala je visok prinos i sadržaj proteina iznad proseka, predstavljaju i mogu i izvor germplazme za istovremeno poboljšanje obe osobine. Sorta Krizia se odlikovala visokim sadržajem proteina velike stabilnosti. Stabilnost prinosa utvrđena je kod većeg broja genotipova

(OS 101, Ravnica, A 1937, NK1550), među kojima najveći i oplemenjivački značaj imaju genotipovi sa prinosom zrna iznad opšteg proseka (Ravnica i A 1937), pri čemu je genotip A 1937 imao i visok i stabilan sadržaj ulja.

➤ U grupi zrenja II prinos zrna iznad proseka grupe ostvarili su uglavnom domaći genotipovi: Lana, Lidija, Vojvođanka i Nena, pri čemu su sorte Lana i Lidija sintetisale i maksimalan sadržaj ulja u zrnju, visoke stabilnosti. PC biplot genotipova soje grupe zrenja II ukazao je na superiornost prinosa domaćeg materijala u odnosu na introdukovani. Genotipovi Gnome i Harosoy imali su masu 1000 zrna i sadržaj proteina iznad proseka grupe, a genotip Kineska visok sadržaj proteina i intermedijaran prinos, pa se mogu koristiti u oplemenjivanju na sadržaj proteina bez veće redukcije prinosa (Kineska), odnosno mase 1000 zrna (Gnome i Harosoy). Sorte grupe zrenja II ispoljile su visoku interakciju genotip \times sredina za prinos zrna, pa ova grupa predstavlja slabo adaptabilan izvor materijala za oplemenjivanje na prinos. Nekoliko sorti iznad proseka prinosa (Lidija, Lana, Vojvođanka) pokazalo je manju interakciju. Stabilan sadržaj proteina utvrđen je kod malog broja genotipova, pri čemu najveći i značaj imaju sorte iznad proseka sadržaja proteina (Olga, Nena, Gnome, HS 302 i Dekabig).

➤ Grupa genotipova sa većim udelom egzotične germplazme u genetici kojoj osnovi pokazala je da je i u okviru introdukovanog materijala slabije adaptacije na lokalne agroekološke uslove moguće identifikovati izvore agronomski poželjnih osobina. Najveći broj mahuna i zrna po biljci istakao se genotip Barc 11-X, koji je uprkos najnižoj masi 1000 zrna ostvario stabilan prinos iznad proseka grupe, istovremeno posedujući i visok sadržaj ulja. Genotip PI 416 892 ostvario je najveće vrednosti prinosa zrna po biljci, sadržaja proteina i mase 1000 zrna. Sorte Hobbit, Sprite, Elf i Pixie, imale su visok sadržaj ulja i bile intermedijarne za ostale agronomске osobine. Pored maksimalnog sadržaja ulja, Sprite i Hobbit su istovremeno imali i najmanju vrednost interakcije za ovu osobinu.

➤ Molekularnom analizom 90 genotipova soje pomoću 21 SSR prajmera dobijeno je ukupno 59 traka od čega je 86,44% bilo polimorfno. Broj traka kretao se od 2 do 5, sa prosečnim brojem od 2,8 traka po prajmeru. Utvrđeni polimorfizam bio je visok, kao što se i očekivalo s obzirom na tip korišćenih molekularnih markera.

➤ Klaster analiza genotipova soje na osnovu molekularnih markera grupisala je genotipove u jedan glavni klaster, diferenciran na manji broj subklastera, u okviru kojih

su genotipovi bili svrstani na veći stepenu genetičnosti. Analizom strukture grupisanja u odnosu na pedigree podatke utvrđeno je određeni nivo saglasnosti između svrstavanja genotipova u grupe i srodnosti na osnovu pedigreea, ali se ta saglasnost pretežno odnosila na pojedinačne parove ili manje grupe genotipova u okviru subklastera ali ne i na grupe u celini. Model grupisanja je pokazao određeni nivo saglasnosti sa podacima o geografskom poreklu. Iako se ne može uočiti jasna diferencijacija na glavne grupe prema regionima porekla, pojedine manje grupe se odlikuju većom brojnošću u genotipova iz istog geografskog regiona. Klaster analiza na osnovu molekularnih markera korespondirala je bolje sa podacima o pedigreeu genotipova nego analiza na osnovu fenotipskih osobina.

➤ Analizom molekularne varijanse utvrđeno je statistički visoko značajna diferencijacija između genotipova pet geografskih grupa. U ukupnoj varijaciji, znatno veće variranje bilo je rezultat diferencijacije u okviru grupa (93,9%), nego diferencijacije u između grupa (6,1%), sugerišu i da posmatrane geografske grupe uglavnom poseduju genetički srodan materijal, ali i da svaka grupa raspolaže dovoljnom genetičkom varijabilnošću koja može biti upotrebljena u daljem programu oplemenjivanja. Grupa genotipova iz Kanade pokazala je statistički značajan i istovremeno i najveći stepen diferencijacije u odnosu na ostale geografske grupe. Domaći genotipovi ispoljili su najmanji stepen diferencijacije u odnosu na američke genotipove od kojih u najvećoj meri i vode poreklo, i nisu se značajno diferencirali u odnosu na evropsko-evroazijsku grupu, što ukazuje na postojanje razmene materijala u okviru širokog regiona Evrope.

➤ Najmanja prosečna genetička udaljenost između genotipova utvrđena je na osnovu agronomski značajnih osobina (0,244). Visok nivo srodnosti agronomskih profila objašnjava se činjenicom da su ispitivani genotipovi pripadali uskom opsegu grupa zrelosti (od I do III), da je u analizu bilo uključeno svega 8 osobina između kojih postoji istovremeno i određeni stepen međuzavisnosti. Osim toga, analiza varijanse je pokazala da se u ukupnoj varijabilnosti agronomskih osobina najveći deo variranja pripisuje faktorima spoljašnje sredine, a najmanji deo genotipskim razlikama. Stoga se i distance dobijene na osnovu agronomskih osobina ne mogu smatrati pouzdanim pokazateljem genetičkog diverziteta ispitivanih genotipova.

➤ Već a prose na genetici ka distanca (0,317) dobijena je na osnovu molekularne analize. Ipak, vrednost distance bila je relativno niska, ukazujući i na usku genetiku na osnovu ispitivanog materijala, što su donekle potvrdili i pedigree podaci. S obzirom da je kolekcija germplazme soje Instituta za kukuruz „Zemun Polje“ manja, lokalna kolekcija, utvrđeni nivo diverziteta može se smatrati zadovoljavajućim. Ipak, u cilju obezbeđivanja dugoročnog napretka u oplemenjivanju, neophodno je proširivanje postojećih kolekcija i introgresija gena iz novih izvora varijabilnosti pohranjenih u svetskim kolekcijama.

➤ Najveća prosečna udaljenost između genotipova dobijena je na osnovu morfoloških deskriptora (0,517), što je donekle otkriveno s obzirom na visok polimorfizam deskriptora koji predstavljaju deo protokola za identifikaciju i diferencijaciju sorti u DUS testovima, kao i činjenicu da su materijalom bile obuhvaćene ne samo komercijalne sorte već i eksperimentalne linije i egzoti na germplazma specifičnih morfoloških profila.

➤ Primenom *Mantel*-ovog testa utvrđena je pozitivna, statistički značajna korelacija između matrice udaljenosti dobijene molekularnom analizom i matrice udaljenosti prema morfološkim deskriptorima ($r=0,061$), nesignifikantna i negativna korelacija između matrice udaljenosti dobijenih na osnovu molekularnih markera i agronomskih osobina ($r=-0,027$) i pozitivna i visoko značajna korelacija između matrice udaljenosti dobijenih na osnovu morfoloških deskriptora i agronomskih osobina ($r=0,179$). Slaba saglasnost matrice molekularne i fenotipske udaljenosti navodi na zaključak da fenotipske osobine, posebno agronomске karakteristike, ne predstavljaju pouzdan parametar genetiki diverziteta populacije. U cilju preciznije genetike karakterizacije i donošenja takvih zaključaka o nivou opšteg diverziteta materijala iz kolekcije, u budućim istraživanjima trebalo bi dominantno koristiti molekularne markere, pri čemu se u izboru treba rukovoditi informacijom o nivou njihovog polimorfizma kao i stepenu povezanosti sa lokusima agronomski značajnih osobina.

➤ Iako su tri tipa markera dala različite informacije o nivou genetiki diverziteta u kolekciji, svaki od njih pokazao je relativnu saglasnost sa pedigree podacima, pa bi se moglo zaključiti da pokazatelji molekularnog i fenotipskog diverziteta predstavljaju različite ali komplementarne informacije, pri čemu svaka ima značaj u oplemenjivačkoj praksi.

7. LITERATURA

- Abbott, L.A., F.A. Bisby, D.J. Rogers (1985): Taxonomic analysis in biology: Computers, models and databases. Columbia Univ. Press, NY
- Abe, J, D.H. Xu, Y. Suzuki, A. Kanazawa (2003): Soybean germplasm pools in Asia revealed by nuclear SSRs. Theor. Appl. Genet. 106: 445-453.
- Ahrent, D.K., C.E. Caviness (1994): Natural Cross-Pollination of Twelve Soybean Cultivars in Arkansas. Crop Sci. 34: 376-378.
- Akkaya, M.S., A.A. Bhagwat, P.B. Cregan (1992): Length polymorphisms of simple sequence repeat DNA in soybean. Genetics 132: 1131–1139.
- Allard, R.W. (1996): Genetic basis of the evolution of adaptedness in plants. Euphytica 92: 1-11.
- Alliprandini, L.F., C. Abatti, P.F. Bertagnolli, J.E. Cavassim, H.L. Gabe., A. Kurek. M.N Matsumoto, M.A.R de Oliveira., C. Pitol, L.C. Prado, C. Steckling (2009): Understanding Soybean Maturity Groups in Brazil: Environment, Cultivar Classification, and Stability. Crop Sci. 49: 801-808.
- Annicchiarico, P. (2002): Defining adaptation strategies and yield-stability targets in breeding programmes. U: Kang, M.S. (ed): Quantitative Genetics, Genomics and Plant Breeding. CAB International, Wallingford, UK, 365-385.
- AOAC (1995): 16th Ed., Official Methods of analysis of the Association of Official Analytical Chemists, AOAC Inc., Arlington, VA.
- Arshad, M., N. Ali, A. Ghafoor (2006): Character correlation and path coefficient in soybean (*Glycine max* (L.) Merrill). Pak. J. Bot. 38(1): 121-130.
- Babi , V., M. Babi , M. Filipovi , N. Deli , B. Purar (2011): Vizuelna ocena fenotipa po UPOV deskriptoru i srodnost linija kukuruza. Ratar. Povrt. 48: 321-326.
- Babi , V. (2011): Geneti ka komponenta stabilnosti hibrida kukuruza (*Zea mays* L.). Doktorska disertacija. Univerzitet u Beogradu, Poljoprivredni fakultet.
- Baker, R.J. (1988): Tests for cross-over genotype x environment interactions. Can. J. Plant Sci. 68: 405-410.
- Baleševi -Tubi , S., V. or evi , J. Miladinovi , V. uki , M. Tati (2011): Stability of soybean seed composition. Genetika 43(2): 217-227.
- Baleševi -Tubi , S., M. Tati , V. uki , V. or evi , G. Cvijanovi , M. Kostić , A. Ilić (2012): Tehnološki kvalitet NS sorti soje. Uljarstvo 43(1-2): 3-6.

- Barosso, A.V.P., O.G. Isaias, M.L. Vieira, C.E. Pulcinelli, R.T. Vencovski, C.D. Santos Dias (2003): Predicting performance of soybean populations using genetic distances estimated with RAPD markers, *Genet. Mol. Biol.* 26(3), 343-348.
- Beh, E.J., R. Lombardo (2014): Correspondence analysis: theory, practice and new strategies. John Wiley & Sons, New York, USA
- Bellaloui, N., J.R. Smith, J.D. Ray, A.M. Gillen (2009): Effect of maturity on seed composition in the early soybean production system as measured on near-isogenic soybean lines. *Crop Sci.* 49: 608–620.
- Bellaloui, N., A. Mengistu, M.A. Kassem (2013): Effects of Genetics and Environment on Fatty Acid Stability in Soybean Seed. *FNS* 4:165-175.
<http://dx.doi.org/10.4236/fns.2013.49A1024>
- Bernard, R.L. (1967): The inheritance of pod color in soybeans. *J. Hered.* 58: 165-168.
- Bernard, R.L., G.A. Juvik, E.E. Hartwig, C.J. Edvards (1988): Origins and Pedigrees of Public Soybean Varieties in the United States and Canada. *USDA Tech. Bull.* 1746.
- Bernard, R.L. (1972): Two genes affecting stem termination in soybeans. *Crop Sci.* 12: 235–239.
- Bernard, R.L. (1975): The inheritance of near-gray pubescence color. *Soybean Genet. Newsl.* 2:31–33.
- Bernard, R.L.; Juvik, G.A.; Nelson, R.L. (1987): *USDA soybean germplasm collection inventory Vol. 1. INTSOY Series No 30.*
- Bernard, R.L., M.G. Weiss (1973): Qualitative genetics. 117–154. U: B.E. Caldwell (ed.) *Soybean: Improvement, production and uses. Agron. Monogr.* 16. ASA, Madison.
- Blanuša, T., R. Stiki, B. Vuceli-Radovi, M. Bara, D. Veli kovi (2000): Dynamics of seed protein biosynthesis in two soybean genotypes differing in drought susceptibility. *Biol. Plantarum* 43: 55-59.
- Boerma, H.R., D.R. Walker (2005): Discovery and utilization of QTLs for insect resistance in soybean. *Genetica* 123: 181–189.
- Borojevi, S. (1981): *Principi i metode oplemenjivanja biljaka*, R. irpanov, Novi Sad
- Bioversity International (2007): Guidelines for the development of crop descriptor lists. *Bioversity Tech. Bull. Series. Bioversity International, Rome, Italy.* XII-72p.

- Bonato, A.L., C.S. Ebersson, O.G. Isaias, C.A. Arias (2006): Genetic similarity among soybean (*Glycine max* L. Merrill.) cultivars released in Brazil using RFLP markers. *Genet. Mol. Biol.* 29 (4): 692-704.
- Board, J.E., M.S. Kang, B.G. Harville (1997): Path analysis identify indirect selection criteria for yield of late planted soybean. *Crop Sci.* 37: 879-884.
- Board, J.E., Kang, M.S., Harville, B.G. (1999): Path analyses of the yield formation process for late-planted soybean. *Agron. J.* 91: 128–135.
- Brevedan, R.E., D.B. Egli (2003): Short periods of water stress during seed filling, leaf senescence, and yield of soybean. *Crop Sci.* 43, 2083–2088.
- Broich, S., R.A. Palmer (1980): Cluster analysis of wild and domesticated soybean phenotypes. *Euphytica* 29: 23-32.
- Brown-Guedira, G.L, Thompson, J.A., Nelson, R.L., M.L. Warburton (2000): Evaluation of genetic diversity of soybean introductions and North American ancestors using RAPD and SSR markers. *Crop Sci.* 40: 815-823.
- Brumm, J.T., C.R. Hurburgh (2002): Quality of the 2002 soybean crop from the United States. American Soybean Association Quality Mission to Asia, Dec. 13, 2002.
- Burstin, J., A. Charcosset (1997): Relationship between phenotypic and marker distances: theoretical and experimental investigations. *Heredity* 79: 477–483.
- Burton, J.W., L. Miranda (2013): Soybean improvement: Achievements and challenges. *Rat. Povrt.* 50: 44-51.
- Burton, J.W. (1998): Kvantitativna genetika u oplemenjivanju soje. U: Hrusti, M. Vidi, . Jockovi (ed): Soja. Institut za ratarstvo i povrtarstvo Novi Sad; Sojaprotein, Be ej. CTP Astrodesign, Beograd. 83-123.
- Burton, J.W. (1987): Quantitative genetics: Results relevant to soybean breeding. U: J.R. Wilcox (ed): Soybeans: Improvement, production and uses. *Agronomy* 16: 211-247.
- Carter, T.E. Jr., J. W. Burton, P. E. Rzewnicki, M. R. Villagarcia, M. O. Fountain, D. T. Bowman, E. Taliercio (2008): Registration of ‘N8101’ Small-Seeded Soybean. *J. Plant Reg.* 3:1–6.
- Carter, T.E., R.L. Nelson, C.H. Sneller, Z. Cui (2004): Soybean genetic diversity. U: Boerma, H.R., J.E. Specht (ed): Soybeans: Improvement, Production, and Uses. ASA, CSSA and SSSA, Madison, WI. 303-416.

- Cavalli-Sforza, L.L., W.F. Bodmer (1971): The genetics of human populations. W.H. Freeman, San Francisco. XVI+965
- Chen, Y.Y., P.Y. Chen, B.G. d.l. Reyes (2006): Differential responses of the cultivated and wild species of soybean to dehydration stress. *Crop Sci.* 46: 2041–2046.
- Chen, Y.W., R.L. Nelson (2004): Genetic variation and relationships among cultivated, wild, and semiwild soybean. *Crop Sci.* 44: 316–325.
- Chen, Y, Nelson R.L. (2005): Relationship between Origin and Genetic Diversity in Chinese Soybean Germplasm, *Crop Sci.* 45(4): 1645-1653.
- Chen, G.H., P. Wiatrak (2010): Soybean development and yield are influenced by planting date and environmental conditions in the southeastern coastal plain, United States. *Agron. J.* 102: 1731-1737.
- Cho, G.T., M.S. Yoon, J. Lee, H.J. Baek, J.H. Kang, T.S. Kim, N.C. Paek (2008): Development of a core set of Korean soybean landraces [*Glycine max* (L.) Merr.]. *J. Crop Sci. Biotech.* 11: 157–162.
- Chowdhury, A.K., P. Srinives, P. Tongpamnak, P. Saksoong, P. Chatwachirawong (2002): Genetic relationship among exotic soybean introductions in Thailand: Consequence for varietal registration. *Science Asia* 28: 227-239.
- Chung, J., H.L. Babka, G.L. Graef, P.E. Staswick, D.J. Lee, P.B. Cregan, R.C. Shoemaker, J.E. Specht (2003): The seed protein, oil, and yield QTL on soybean linkage group I. *Crop Sci.* 43:1053-1067.
- Cleveland, W.S. (1979): Robust Locally Weighted Regression and Smoothing Scatterplots. *J. Am. Statist. Assoc* 74: 829-836.
- Cober, E.R., H.D. Voldeng, J.A. Fregeau-Reid (1997): Heritability of seed shape and seed size in soybean. *Crop Sci* 37: 1767-1769.
- Cober, E.R., D.W. Stewart, H.D. Voldeng (2001): Photoperiod and temperature responses in early-maturing, near-isogenic soybean lines. *Crop Sci.* 41:721–727
- Cockerham, C.C. (1969): Variance of gene ferquencies. *Evolution* 23: 72-84.
- Concibido, V.C., B. La Vallee, P. Mclaird, N. Pineda, J. Meyer, L. Hummel, J. Yang, K. Wu, X. Delannay (2003): Introgression of a quantitative trait locus for yield from *Glycine soja* into commercial soybean cultivars. *Theor. Appl. Genet.* 106:575-582.

- Cooper, R.L., T.Mendiola (2004): Registration of 10 determinate semidwarf soybean germplasm lines. *Crop Sci.* 44 (2): 699-700.
- Cornelious, B.K. C.H. Sneller (2002): Yield and molecular diversity of soybean lines derived from crosses of Northern and Southern elite parents. *Crop Sci.* 42: 642-647.
- Corrado, G, M. La Mura, O. Ambrosino, G. Pugliano, P. Varricchio, R. Rao (2009): Relationships of Campanian olive cultivars: comparative analysis of molecular and phenotypic data. *Genome* 52: 692-700.
- Costa, M.M., A.O. Di Mauro, S.H. Uneda-Trevisoli, N.H.C. Arriel, I.M. Barbaro, G.D. Da Silveira, F.R.S. Muniz (2008): Heritability estimation in early generations of two-way crosses in soybean, *Bragantia*, Campinas, 67(1): 101-108.
- Cregan, P.B., M.S. Akkaya, A.A., Bhagwat U. Lavi, J. Rongwen (1994): Length polymorphism of simple sequence repeat (SSR) DNA as molecular markers in plants. U: Gresshoff, P.M. (ed): *Plant genome analysis*. CRC Press, New York.
- Cregan, P. B., T. Jarvik, A.L. Bush, R.C. Shoemaker, K.G. Lark, A.L. Kahler, N. Kaya, T.T. VanToai, D.G. Lohnes, J. Chung, J.E. Specht (1999): An Integrated Genetic Linkage Map of the Soybean Genome. *Crop Sci.* 39: 1464–1490.
- Crossa, J., J. Franco (2004): Statistical methods for classifying genotypes. *Euphytica* 137: 19-37.
- Crossa, J., H.G. Gauch, R.W. Zobel (1990): Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis of two international maize cultivar trials. *Crop Sci.* 30:493-500.
- Cui, Z., T.E. Carter Jr, J.W. Burton (2000a): Genetic base of 651 Chinese soybean cultivars released during 1923 to 1995. *Crop Sci.* 40:1470-1481.
- Cui, Z, T.E. Carter, J.W. Burton (2000b): Genetic diversity patterns in Chinese soybean cultivars based on coefficient of parentage. *Crop Sci.* 40:1780–1793.
- Cui, Z., T.E. Carter, Jr., J.W. Burton, R. Wells (2001): Phenotypic Diversity of Modern Chinese and North American Soybean Cultivars. *Crop Sci.* 41: 1954–1967.
- Curtis, D.F., J.W. Tanner, B.M. Luzzi, D.J. Hume (2000): Agronomic and phenological differences of soybean isolines differing in maturity and growth habit. *Crop Sci.* 40: 1624-1629.

- upi , T., M. Tucak, S. Popovi , S. Bolari , S. Grljuši , V. Kozumplik (2009): Genetic diversity of pea (*Pisum sativum* L.) genotypes assessed by pedigree, morphological and molecular data. *J. Food Agric. Environ.* 7 (3,4): 343-348.
- Dardanelli, J.L., M. Balzarini, M.J. Martinez, M.Cuniberti, S. Resnik, S.F. Ramunda, R. Herrero, H. Baigorri (2006): Soybean maturity groups, environments, and their interaction define mega-environments for seed composition in Argentina. *Crop Sci.* 46: 1939-1947.
- Da Silva, C.A., P.A. Teodoro, G.F.C. Silva, L.P. Ribeiro, F.A. da Silva, C.C.G. Correa, R.A.A. da Luz, F.E. Torres (2014): Correlations and genetic parametars between morphological descriptors in soybean. *Journal of Agronomy, ANSI* 13(3): 117-121.
- De Bruin, J.L., P. Pedersen (2008): Yield improvement and stability for soybean cultivars with resistance to *Heterodera Glycines Ichinohe*. *Agron. J.* 100:1354-1359.
- De Oliveira, M.A.R., V.C. Pípolo, I. Schuster, D. Vicente, M. Dellagostin, E.F. de Oliveira (2006): Soybean stability and adaptability in Southern and Central Brazil. *Crop Breed. Appl. Biot.* 6:55-64.
- Desclaux, D., T.T. Huynh, P. Roumet (2000): Identification of soybean plant characteristics that indicate the timing of drought stress. *Crop Sci.* 40(3): 716-722.
- Desclaux, D., P. Roumet (1996): Impact of drought stress on the phenology of two soybean (*Glycine max* (L.) Merr) cultivars. *Field Crops Res.* 46:61-70.
- Dodig, D., M. Zori , B. Kobiljski, G. Šurlan-Momirovi , S. Quarrie (2010): Assessing drought tolerance and regional patterns of genetic diversity among spring and winter bread wheat using simple sequence repeats and phenotypic data. *Crop Pasture Sci.* 61: 812-824.
- Doldi, M.L., J. Vollmann, T. Lelley (1997): Genetic diversity in soybean as determined by RAPD and microsatellite analysis. *Plant Breed.* 116: 331-335.
- Dong, Y.S., B.C. Zhuang, L.M. Zhao, H. Sun, M.Y. He (2001): The genetic diversity in annual wild soybeans grown in China. *Theor. Appl. Genet.* 103: 98-103.
- Dong, Y.S., L.M. Zhao, B. Liu, Z.W. Wang, Z.Q. Jin, H. Sun (2004): The genetic diversity of cultivated soybean grown in China. *Theor. Appl. Genet* 108: 931-936.

- Dong, D., X. Fu, F. Yuan, P. Chen, S. Zhu, B. Li, Q. Yang, X. Yu, D. Zhu (2014): Genetic diversity and population structure of vegetable soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) in China as revealed by SSR markers. *Genet. Resour. Crop Evol.* 61:173-183.
- Dornbos, D.L. Jr., R.E. Mullen (1992): Soybean seed protein and oil contents and fatty acid composition adjustments by drought and temperature. *J. Am. Oil Chem. Soc.* 69(3): 228-231.
- Dozet, G. (2006): Prinos i kvalitet soje u zavisnosti od me urednog razmaka i grupe zrenja u uslovima navodnjavanja. Magistarska teza. Univerzitet u Novom Sadu, Poljoprivredni fakultet.
- uki, V., V. or evi, S. Baleševi -Tubi, M. Tati, A. Ili (2009a): Uticaj azota na prinos i masu hiljadu zrna soje. *Selekcija i semenarstvo*, 15 (4): 73-80.
- uki, V., S. Baleševi -Tubi, V. or evi, M. Tati, G. Dozet, G. Ja imovi, K. Petrovi (2011): Prinos i semenski kvalitet soje u zavisnosti od uslova godine. *Ratar. Povrt.* 48 : 137-142.
- uki, V., R. Brankovi, V. or evi, S. Baleševi -Tubi, G. Dozet, V. Popovi, S. Jakši (2009b): Sadržaj ulja u NS sortama soje zavisno od lokaliteta gajenja. *Zbornik radova 50. Savetovanje industrije ulja. Herceg Novi, 2009.* 151-156.
- Eckart, C., G. Young (1936): The approximation of one matrix by another of lower rank. *Psychometrika* 1: 211-218.
- Edwards, D., J.W. Forster, D. Chagne, J. Batley (2007): What are SNPs? U: Oraguzie, N.C., E.H.A. Rikkerink, S.E. Gardiner, H.N. de Silva (ed): *Association Mapping in Plants*. Springer NY. 41-52.
- E ed, A., Z. Lon ari, D. Horvat, K. Skala (2010): Visualisation of winter wheat quantitative traits with parallel coordinate plot. *Poljoprivreda* 16 (2): 14-19.
- Egli, D.B., J. Faser, J.E. Legget, C.G. Poneleit (1981): Control of seed growth in soya beans (*Glycine max* (L.) Merrill). *Ann. Bot.* 48 (2): 171-176.
- Egli, D.B., J.H. Orf, T.W. Pfeiffer (1984): Genotypic variation for duration of seed fill in soybean. *Crop Sci.* 24: 587-592
- Egli, D.B. (2010): Soybean Yield Physiology: Principles an processes of yield production. U: G. Singh (ed): *Soybean: Botany, production and uses*. CAB International. 113-141.

- Egli, D.B. (2008): Soybean yield trends from 1972 to 2003 in mid-western USA. *Field Crops Res.* 106:53-59.
- Egli, D.B. (1993): Cultivar maturity and potential yield of soybean. *Field Crops Res.* 32: 147-158.
- Egli, D.B. (1994): Cultivar Maturity and Reproductive Growth Duration in Soybean. *J. Agron. Crop Sci.* 173: 249-254.
- Eskandari, M., E.R. Cober, I. Rajcan (2013): Genetic control of soybean seed oil: II. QTL and genes that increase oil concentration without decreasing protein or with increased seed yield. *Theor. Appl. Genet.* 126(6): 1677-87.
- Everitt, B.S., S. Landau, M. Lesse, D. Stahl (2011): *Cluster Analysis*, 5th ed. John Wiley & Sons, New York, USA
- Excoffier, L., P. Smouse, J. Quattro (1992): Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial restriction data. *Genetics* 131: 479-491.
- Excoffier, L., H.E.L. Lischer (2010): Arlequin suite ver. 3.5: a new series of programs to perform population genetic analyses under Linux and Windows. *Mol. Eco. Res.* 10: 564-567.
- FAO (2013): Faostat. <http://faostat3.fao.org/browse/Q/QC/E>
- Fehr, W.R., C.E. Caviness (1977): Stages of soybean development Spec. Rep. 80. Iowa Agric. Home Econ. Exp. Stn., Iowa State Univ., Ames.
- Felsenstein, J. (2005): PHYLIP (Phylogeny Inference Package) ver. 3.6. Distributed by the author. Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle.
- Franco, J., J. Crossa, J. Vilasenor, S. Taba, S.A. Eberhart (1998): Classifying Genetic Resources by Categorical and Continious Variables. *Crop Sci.* 38: 1688-1696.
- Franco, J., J. Crossa, J.M. Ribaut, J.Bertran, M.L. Warburton, M.Khairallah (2001): A method for combinig molecular markers and phenotypic attributes for classifying plant genotypes. *Theor. Appl. Genet.* 103: 944-952.
- Frankel, O.H. (1984): *Genetic Perspectives of Germplasm Conservation*. U: W. Arber, K. Llimensee, W.J. Peacock, P. Starlinger (ed): *Genetic manipulation: Impact on man and society*. Cambridge University Press, Cambridge, UK, 161-170.
- Fox, C., T.R. Cary, R.L. Nelson, B.W. Diers (2015): Confirmation of a Seed Yield QTL in Soybean. *Crop Sci.* 55(3): 992-998.

- Fu, Y.B., G.W. Peterson, M.J. Morrison (2007): Genetic diversity of Canadian soybean cultivars and exotic germplasm revealed by simple sequence repeat markers. *Crop Sci.* 47: 1947-1954.
- Fufa, H., P.S. Baenziger, B.S. Beecher, I. Dweikat, R.A. Graybosh, K.M. Eskridge (2005): Comparison of phenotypic and molecular marker-based classifications of hard red winter wheat cultivars. *Euphytica* 145: 133–146.
- Fujita, R., M. Ohara, K. Okazaki, Y. Shimamoto (1997): The extent of natural cross-pollination in wild soybean (*Glycine soja*). *J. Hered.* 88:124-128.
- Gabriel, K.R. (1971): The biplot graphic display of matrices with application to principal components analysis. *Biometrika* 58: 453-467.
- Gai, J.Y., T.J. Zhao, Z.L. Cui, J.X. Qiu (1998): Nuclear and cytoplasmic contributions of germplasm from distinct areas to the soybean cultivars released during 1923–1995 in China. *Sci. Agric. Sin.* 31: 35–43.
- Gauch, H.G., R.W. Zobel (1988): Predictive and postdictive success of statistical analysis of yield trials. *Theor. Appl. Genet.* 76:1-10.
- Gauch, H.G., R.W. Zobel (1996): AMMI analysis of yield trials. In: Kang M.S., H.G. Gauch, (ed). *Genotype by environment interaction*. CRC Press, Boca Raton. 85-122.
- Ghalmi, N., M. Malice, J-M. Jacquemin, S-M. Ounane, L. Meckliche, J.P. Baoudoin (2010): Morphological and molecular diversity within Algerian cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) landraces. *Genet. Resour. Cop Evol.* 57: 371-386.
- Ghassemi-Golezani, K., R. Lotfi (2013): Influence of water stress and pod position on oil and protein accumulation in soybean grains. *Intl. J. Agron. Plant Prod.* 4: 2341-2345.
- Ghosh, J., P.D. Ghosh, P.R. Choudhury (2014): An assessment of genetic relatedness between soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) cultivars using SSR markers. *Am. J. Plant Sci.* 5: 3089-3096.
- Giauffret, C., J. Lothrop, D. Dorvillez, B. Gouesnard, M. Derieux (2000): Genotype x environment interactions in maize from temperate or highland tropical origin. *Crop Sci.* 40: 1004–1012

- Giancola, S.S., M. Poltri, P. Lacaze, H.E. Hopp (2002): Feasibility of integration of molecular markers and morphological descriptors in a real case study of a plant variety protection system for soybean. *Euphytica*, 127:95-113.
- Gibson, L.R., R.E. Mullen (1996): Soybean seed composition under high day and night growth temperatures. *J. Am. Oil Chem. Soc.* 73:733-737.
- Gifi, A. (1990): Nonlinear multivariate analysis. John Wiley & Sons, New York USA.
- Gijzen, M., C. Weng, K. Kuflu, L. Woodrow, K. Yu, K. Poysa (2003): Soybean seed lustre phenotype and surface protein co-segregate and map to linkage group E. *Genome* 46: 659-664.
- Gijzen, M., K. Kuflu, P. Moy (2006): Gene amplification of the Hps locus in *Glycine max*. *BMC Plant Biol.* 6:6. doi:10.1186/1471-2229-6-6
- Gillman, J.D., A. Tetlow, J-D. Lee, J.G. Shannon, K. Biley (2011): Loss-of-function mutations affecting a specific *Glycine max* R2R3 MYB transcription factor results in brown hilum and brown seed coats. *BMC Plant Biology*, 11: 155 doi:10.1186/1471-2229-11-155
- Gizlice, Z., T.E. Carter, J.W. Burton (1994): Genetic base of North American public soybean cultivars released between 1947 and 1988. *Crop Sci.* 27: 885-892.
- Gizlice, Z., T.E. Carter, J.W. Burton (1993): Genetic diversity in North American soybean: I. Mutivariate analysis of founding stock and relation to coefficient of parentage. *Crop Sci.* 33: 614-620.
- Gower, J.C., D.J. Hand (1996): Biplots. Chapman & Hall, London, UK.
- Goyal, R., S. Sharma, B.S. Gill (2012): Variability in the nutrients, antinutrients and other bioactive compounds in soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) genotypes. *Journal of Food Legumes* 25(4): 314-320.
- Guan, R., R. Chang, Y. Li, L. Wang, Z. Liu, L. Qiu (2010): Genetic diversity comparison between Chinese and Japanese soybeans (*Glycine max* (L.) Merr.) revealed by nuclear SSRs. *Genet. Resour. Crop Evol.* 57: 229-242.
- Guo, J., Y. Wang, C. Song, J. Zhou, L. Qiu, H. Huang Y. Wang (2010): A single origin and moderate bottleneck during domestication of soybean (*Glycine max*): implications from microsatellites and nucleotide sequences. *Ann. Bot.* 106 (3): 505-514.

- Guo, J., Y. Liu, Y. Wang, J. Chen, Y. Li, H. Huang, L. Qiu, Y. Wang (2012): Population structure of the wild soybean (*Glycine soja*) in China: implications from microsatellite analyses. *Ann. Bot.* 110 (4): 777-785.
- Guo, Y, Y.H. Li, H.L. Hong, L.J. Qiu (2014): Establishment of the integrated applied core collection and its comparison with mini core collection in soybean (*Glycine max*). *The Crop Journal* 2: 38-45.
- Guodong, Z., W. Jinling, M. Qingxi (1987): Inheritance of bloom on seed coat in soybean. *Soybean Genet. Newsl.* 14: 91–93.
- Guzman, P.S., B.W. Diers, D.J. Neece, S.K.S. Martin, A.R. Leroy, C.R. Grau, T.J. Hughes, R.L. Nelson (2007): QTL associated with yield in three backcross-derived populations of soybean. *Crop Sci.* 47: 111-122.
- Haghi, Y., P. Boroomandan, M. Moradin, M. Hassankhali, P. Farhadi, F. Farsaei, S. Dabiri (2012): Correlation and path analysis for yield, oil and protein content of Soybean (*Glycine max* L.) genotypes under different levels of nitrogen starter and plant density. *Biharean Biologist* 6 (1): 32-37.
- Hahn, V., T. Wurschum (2014): Molecular genetic characterisation of Central European soybean breeding germplasm. *Plant Breed.* 133: 748-755.
- Hair, J.R., R.E. Anderson, R.L. Tatham, W.C. Black. (1995): Multivariate data analysis with readings. 4th edition, Prentice-Hall, Englewood Cliffs, NJ.
- Hallauer, A.R. J.B. Miranda (1988): Quantitative Genetics in Maize Breeding, Iowa State University Press.
- Hartl, D.L., A.G. Clark (1997): Principles of population genetics. 3rd edition, Sunderland, MA: Sinauer Associates.
- Hartwig, E.E., K. Hinson (1962): Inheritance of flower color of soybeans. *Crop Sci.* 2:152-153.
- Han, T.F., C.X. Wu, Z. Tong, R.S. Mentreddy, K.H. Tan, J.Y. Gai (2006): Post flowering photoperiod regulates vegetative growth and reproductive development of soybean. *Environ. Exp. Bot.* 55: 120-129.
- Hegay, S., M. Geleta, T. Bryngelsson, A. Asanaliev, L.G. Gustavsson, H.P. Hovmalm, R. Ortiz (2014): Genetic diversity analysis in *Phaseolus vulgaris* L. using morphological traits. *Genetic. Resour. Crop Evol.* 61: 555-566.

- Hegeman, V., D.E. Johnson (1976): On analyzing two-way AOV data with interaction. *Tehnometrics* 18: 273-281.
- Helms, T.C., J.H. Orf (1998): Protein, oil, and yield of soybean lines selected for increased protein. *Crop Sci.* 38: 707-711.
- Hill, J.L., E.K. Peregrine, G.L. Sprau, C.R. Cremeens, R.L. Nelson, J.H. Orf, D.A. Thomas (2005): Evaluation of the USDA Soybean Germplasm Collection: Maturity Groups 000-IV (PI 507670-PI 574486). USDA Agric. Techn. Bull. No. 1914.
- Hrusti, M., B. Beli, J. Jocković (1985): Međuzavisnost komponenata prinosa soje i njihov uticaj na prinos zrna po biljci. *Arh. Poljopr. Nauke* 46: 245-251.
- Hu, Z., H. Zhang, G. Kan, D. Ma, D. Zhang, G. Shi, D. Hong, G. Zhang, D. Yu (2013): Determination of the genetic architecture of seed size and shape via linkage and association analysis in soybean (*Glycine max* L. Merr.). *Genetica* 141:247-254.
- Hudcovicová, M., J. Kraic (2003): Utilisation of SSRs for characterisation of the soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) genetic resources. *Czech J. Plant Breed.* 39:120-126.
- Hulburt, D.J., H.R. Boerma, J.N. All (2004): Effect of pubescence tip on soybean resistance to lepidopteran insects. *J. Econ. Entomology* 97(2): 621-627.
- Hurburgh, C.R. (2000): Quality of the 2000 soybean crop from the United States. American Soybean Association Asia Quality Seminar, December 5, 2000.
- Hwang, T.Y., Y. Nakamoto, I. Kono, H. Enoki, H. Funatsuki, K. Kitamura, M. Ishimoto (2008): Genetic diversity of cultivated and wild soybeans including Japanese elite cultivars as revealed by length polymorphism of SSR markers. *Breed Sci.* 58:315-323.
- Hwang, Y.H., J.D. Lee, Y.S. Jeong, K.H. Dhakal, C.H. Lee, S.M. Seo (2009): Development of soybean population with extremely high isoflavone content by an interspecific cross between *Glycine max* and *Glycine soja*. *Proceedings of the World Soybean Research Conference VIII*, August 9–16, 2009. Beijing.
- Hymowitz, T. (1990): Soybeans: the success story. U: J. Janick, J.E. Simon (ed): *Advances in New Crops: Proceedings of the First National Symposium on New Crops: Research, Development, Economics*, held at Indianapolis, Ind., 23–26 October 1988. Timber Press, Portland, Oreg. 159–163.

- Hyten, D.L., V.R. Pantalone, C.E. Sams, A.M. Saxton, D. Landau-Ellis, T.R. Stefaniak, M.E. Schmidt (2004): Seed quality QTL in a prominent soybean population. *Theor. Appl. Genet.* 109: 552–561.
- Hyten, D.L., Q-J. Song, Y-L. Zhu, I-Y. Choi, R.L. Nelson, J.M. Costa, J.E. Specht, R.C. Shoemaker, P.B. Cregan (2006): Impacts of genetic bottlenecks on soybean genome diversity. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 103: 16666–16671.
- Innis, M.A., D.H. Gelfand, J.J. Snisky, T.J. White (1990): PCR protocols: A guide to methods and applications. San Diego, CA, USA, Academic press, 482
- Inselberg, A. (1985): The plane with parallel coordinates. Special issue on computational geometry: *The visual computer* 1:69-91.
- Iqbal, S., T. Mahmood, Tahira, M. Ali, M. Anwar, M. Sarwar (2003): Path-coefficient analysis in different genotypes of soybean [*Glycine max* (L) Merrill]. *Pak. J. Biol. Sci.* 6(12): 1085-1087
- Iqbal, Z. M. Arshad, M. Ashraf, T. Mahmood, A. Waheed (2008): Evaluation of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) germplasm for some important morphological traits using multivariate analysis. *Pak. J. Bot.* 40(6): 2323-2328.
- Iqura, E., E. Gagnon, F. Belzile (2010): Comparison of genetic diversity between Canadian adapted genotypes and exotic germplasm of soybean. *Genome* 53:337-345.
- Jocković, M., M. Hrustić, M. Vidić (1998): Oplemenjivanje soje u Institutu za ratarstvo i povrtarstvo. U: Hrustić, Milica, Vidić, M., Jocković, M. (ed): Soja. CTP Astrodesign, Beograd, 83-114.
- Jovanović, M. (1994): Proučavanje genetike i fenotipske zavisnosti prinosa zrna soje. Magistarski rad. Univerzitet u Beogradu, Poljoprivredni fakultet, Zemun
- Juvik, G.A., R.L. Bernard, R. Chang, J.F. Cavins (1989): Evaluation of the USDA wild soybean germplasm collection: maturity groups 000 to IV (PI 65.549 to PI 483.464). *USDA Technical Bulletin* No. 1761
- Kabelka, E.A., B.W. Diers, W.R. Fehr, A.R. LeRoy, I.C. Baianu, T. You, D.J. Neece, R.L. Nelson (2004): Putative alleles for increased yield from soybean plant introductions. *Crop Sci.* 44:784-791.
- Kaga, A., T. Shimizu, S. Watanabe, Y. Tsubokura, Y. Katayose, K. Harada, D. Vaughan, N. Tomooka (2012): Evaluation of soybean germplasm conserved in NIAS genebank and development of mini core collections. *Breed. Sci.* 61:566-592.

- Kamiya, K.M. T. Kiguchi (2003): Rapid DNA extraction from soybean seeds. *Breed. Sci.* 53 (3): 277-279.
- Kang, M.S. (2004): Breeding: Genotype by environment interaction. *Encyclopedia of Plant and Crop Sci.* 218-221.
- Kang, M.S. (1998): Using genotype by environment interaction for crop cultivar development. *Adv. Agron.* 35:199-240.
- Karasu, A., M. Oz, A.T. Goksoy, Z.M. Turan (2009): Genotype by environment interactions, stability and heritability of seed yield and certain agronomic traits in soybean (*Glycine max* (L.) Merr.), *Afr. Journal Biotech.* 8(4): 580-590.
- Kato, S., T. Sayama, K. Fujii, S. Yumoto, Y. Kono, T.Y. Hwang, A. Kikuchi, Y. Takada, Y. Tanaka, T. Shiraiwa, M. Ishimoto (2014): A major and stable QTL associated with seed weight in soybean across multiple environments and genetic backgrounds. *Theor. Appl. Genet.* 127(6): 1365-1374.
- Kelly, J.D., J.M. Kolkman, K. Schneider (1998): Breeding for yield in dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Euphytica* 102: 343-356.
- Kim, M., D.L. Hyten, T. L. Niblack B. W. Diers (2011): Stacking Resistance Alleles from Wild and Domestic Soybean Sources Improves Soybean Cyst Nematode Resistance. *Crop Sci.* 51 (3): 934-943
- Kisha, T.J., C.H. Sneller, B.W. Diers (1997): Relationship between genetic distance among parents and genetic variance in populations of soybean. *Crop Sci.* 37: 1317-1325.
- Kollipara, K.P., R.J. Singh, T. Hymowitz (1997): Phylogenetic and genomic relationships in the genus *Glycine* Willd. based on sequences from the ITS region of nuclear rDNA. *Genome* 40: 57 – 68.
- Kong, F., H. Nan, D. Cao, Y. Li, F. Wu, J. Wang, S. Lu, X. Yuan, E.R. Cober, J. Abe, B. Liu (2014): A New Dominant Gene *E9* Conditions Early Flowering and Maturity in Soybean. *Crop Sci.* 54: 2529-2535.
- Kozak, M. (2010): Use of parallel coordinate plots in multi-response selection of interesting genotypes. *Communications in Biometry and Crop Science* 5(2): 83-95.
- Kroonenberg, P.M. (1995): Introduction to biplots for $G \times E$ tables. Department of Mathematics, Research Report 51, University of Queensland

- Kumar, C.R. (2008): Diversity analysis and association mapping studies in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] using morphological and Simple Sequence Repeat (SSR) markers. Master thesis. TNAU, Coimbatore.
- Kumar, A., A. Padney, C. Aochen, A. Pattanayak (2015): Evaluation of genetic diversity and interrelationships of agro-morphological characters in soybean *Glycine max* genotypes. Proceedings of the National Academy of Sciences, India - Section B: Biological Sciences 85 (2): 397-405.
- Kumudini, S.V., P.K. Pallikonda, C. Steele (2007): Photoperiod and e-genes influence the duration of the reproductive phase in soybean. Crop Sci. 47: 1510-1517.
- Kumudini, S. (2010): Soybean growth and development. in Soybean: Botany, production and uses. ed.by. G. Singh. CAB International. 48-73.
- Kuroda, Y., A. Kaga, N. Tomooka, D.A. Vaughan (2008): Gene flow and genetic structure of wild soybean (*Glycine soja*) in Japan. Crop Sci. 48: 1071–1079.
- Kuroda, Y., N. Tomooka, A. Kaga, S.M.S.W. Wanigadeva, D.A. Vaughan (2009): Genetic diversity of wild soybean (*Glycine soja* Sieb. et Zucc.) and Japanese cultivated soybeans [*G. max* (L.)Merr.] based on microsatellite (SSR) analysis and the selection of a core collection. Genet. Resour. Crop. Evol. 56: 1045–1055.
- Lam, H.M., X. Xu, X. Liu, W. Chen, G. Yang, F.L. Wong, M.W. Li, W. He, N. Qin, B. Wang, J. Li, M. Jian, J. Wang, G. Shao, J. Wang, S.S.M. Sun, G. Zhang (2010): Resequencing of 31 wild and cultivated soybean genomes identifies patten of genetic diversity and selection. Nat. Genet. 42: 1053-1059.
- Lambert, L., R.M. Beach, T.C. Kilen, J.W. Todd (1992): Soybean pubescence and its influence on larval development and oviposition preference of lepidopterous insects. Crop Sci. 32 (2): 463-466.
- Lee, S.H., M.A. Bailey, M.A.R. Mian, T.E. Carter, D.A. Ashley, R.S. Hussey, W.A. Parrott, H. R. Boerma (1996): Molecular markers associated with soybean plant height, lodging and maturity across locations. Crop Sci. 36 (3): 728–735.
- Lee, S.J., W. Yan, J.K. Ahn, M.I. Chung, (2002): Effects of year, site, genotype and their interactions on various soybean isoflavones. Field Crop. Res. 4150: 1–12.
- Lee, J.D., J.K. Yu, Y.H. Hwang, S. Blake, Y.S. So, G.J. Lee, H.T. Nguyen, J.G. Shannon (2008): Genetic diversity of wild soybean (*G. soja* Sieb. and Zucc.) accessions from South Korea and other countries. Crop Sci. 48: 606-616.

- Lee, J.D., J.G. Shannon, T.D. Vuong, H. Moon, H.T. Nguyen, C. Tsukamoto, G. Chung (2010): Genetic diversity in wild soybean (*Glycine soja* Sieb.&Zucc.) accessions from southern islands of Korean peninsula. *Plant Breed.* 129: 257-263
- Lee, J.D., T.D. Vuong, H. Moon, J.K. Yu, R.L. Nelson, H.T. Nygen, J.G. Shannon (2011): Genetic Diversity and Population Structure of Korean and Chinese Soybean [*Glycine max*(L.)Merr.] Accessions. *Crop Sci.* 51: 1080-1088.
- Lee, G.A., Y.M. Choi, J.Y. Yi, J.W. Chung, M.C. Lee, K.H. Ma, S. Lee, J.W. Cho, J.R. Lee (2014): Genetic diversity and population structure of Korean soybean collection using 75 microsatellite markers. *Korean J. Crop. Sci.* 59(4):492-497.
- Leffell, R.C., R.L. Bernard, J.O. Yocum (1993): Agronomic performance of fasciated soybean genotypes and their isogenic lines. *Crop Sci.* 33(3): 427-432.
- Leffell, R.C. (1994): Registration of six pairs of BARC-11 soybean near-isogenic lines, fasciated vs. normal. *Crop Sci.* 34: 321.
- Lersten, N.R., J.B. Carlson (2004): Vegetative morphology. U: Boerma, H.R., J.E. Specht (ed): Soybeans: Improvement, production and uses. 3rd ed. ASA, Madison,WI. 16-49.
- Lessa, E.P. (1990): Multidimensional analysis of geographic genetic structure. *Systematic Zoology* 39: 242-252.
- Li, L-H; L-J Qiu; R-Z Chang; X-L Hi (2005): Differentiation and Genetic Diversity of SSR Molecular Markers for Huanghuai and Southern Summer Sowing Soybean in China. *Acta Agron. Sin.* 31(06): 777-783 (na kineskom sa engleskim abstraktom)
- Li, Y., R. Guan, Z. Liu, Y. Ma, L. Wang, L. Li, F. Lin, W. Luan, P. Chen, Z. Yan, Y.Guan, L. Zhu, X. Ning, M.J. Smulders, W. Li, R. Piao, Y. Cui, Z. Yu, M. Guan, R. Chang, A. Hou, A. Shi, B. Zhang, S. Zhu, L. Qiu (2008): Genetic structure and diversity of cultivated soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) landraces in China. *Theor. Appl. Genet.* 117(6): 857-71.
- Li, Y.H., M.J.M. Smulders, R.Z. Chang, L.J. Qiu (2011): Genetic diversity and association mapping in a collection of selected Chinese soybean accessions based on SSR marker analysis. *Conserv. Genet.* 12:1145–1157.

- Li, X.H., K.J. Wang, J.Z. Jia (2009): Genetic diversity and differentiation of Chinese wild soybean germplasm (*G. soja* Sieb. & Zucc.) in geographical scale revealed by SSR markers. *Plant Breed.* 128: 658–664
- Li, Y.H., W. Li, C. Zhang, L. Yang, R.Z. Chang, B.S. Gaut, L.J. Qiu (2010a): Genetic diversity in domesticated soybean (*Glycine max*) and its wild progenitor (*Glycine soja*) for simple sequence repeat and single-nucleotide polymorphism loci. *New Phytol.* 188 (1): 242–253.
- Li, X., W. Yan, H. Agrama, B. Hu, L. Jia, M. Jia, A. Jackson, K. Moldenhauer, A McClung, D. Wu (2010b): Genotypic and phenotypic characterization of genetic differentiation and diversity in the USDA rice mini-core collection. *Genetica* 138: 1221–1230.
- Li, Z., L. Qiu, J.A. Thompson, M.M. Welsh, R.L. Nelson (2001): Molecular Genetic Analysis of U.S. and Chinese Soybean Ancestral Lines. *Crop Sci.* 41:1330–1336.
- Li, Z., R.L. Nelson (2001): Genetic diversity among soybean accessions from three countries measured by RAPDs. *Crop Sci.* 41:1337–1347.
- Li, Z., R.L. Nelson (2002): RAPD marker diversity among cultivated and wild soybean accessions from four Chinese provinces. *Crop Sci.* 42: 1737–1744.
- Li, H., J.W. Burton (2002): Selecting increased seed density to increase indirectly soybean seed protein concentration *Crop Sci.* 42: 393 – 398.
- Li, Y.S., M. Du, Q.Y. Zhang, M. Hashemi, X.B. Liu, S.J. Hebert (2013): Correlation and path coefficient analysis for yield components of vegetable soybean in Northeast China. *Legume Res.* 36:284–288
- Ligarreto, G.A, O.W. Martínez (2014): Identification of the variability of a common bean collection through morphological, physiological, biochemical, and molecular relationships. *Agron. Colomb.* 32 (2): 159–169
- Liu, B., T. Fujita, Y.H. Yan, S. Sakamoto, D. Xu, J. Abe (2007): QTL mapping of domestication related traits in soybean. *Ann. Bot.* 100: 1027–1038.
- Liu, Y., P. Chen, L. Qiu (2006a): Establishment of Chinese soybean (*Glycine max*) core collections with agronomic traits and SSR markers. *Euphytica* 151: 215–223.
- Liu, B.H. (1998): *Statistical Genomics. Linkage, mapping and QTL Analysis*, CRC Press, Boca Raton, USA.

- Liu, B., S. Watanabe, T. Uchiyama, F. Kong, A. Kanazawa, Z. Xia, A. Nagamatsu, M. Arai, T. Yamada, K. Kitamura, C. Masuta, K. Harada, J. Abe (2010): The soybean stem growth habit gene *Dt1* is an ortholog of *Arabidopsis* terminal flower. *Plant Physiol.* 153: 198–210.
- Liu, Y., Y. Li, J.C. Reif, M.F. Mette, Z. Liu, B. Liu, S. Zhang, L. Yan, R. Chang, L. Qiu (2013): Identification of Quantitative Trait Loci Underlying Plant Height and Seed Weight in Soybean. *Plant Genome* 6:1-11.
doi:10.3835/plantgenome2013.03.0006
- Lu, B.R. (2004): Conserving biodiversity of soybean gene pool in the biotechnology era. *Plant Spec. Biol.* 19: 115-125.
- Luo, Q.Y., G.J. Yu, Y.L. Liu (2005): Differential sensitivity to chloride and sodium ions in seedlings of *Glycine max* and *G. soja* under NaCl stress. *J. Plant Physiol.* 162: 1003-1012.
- Lynch, M., B. Walsh (1998): *Genetics and analysis of quantitative traits*. Sinauer Associates Inc., Sunderland, Mass.
- Maccaferri, M., S. Stefanelli, F. Rotondo, R. Tuberosa, M.C. Sanguineti (2007): Relationships among durum wheat accessions. I. Comparative analysis of SSR, AFLP, and phenotypic data. *Genome* 50: 373-384.
- Machikowa T., A. Waranyuwat, P. Laosuwan (2005): Relationships between seed yield and other characters of different maturity types of soybean grown in different environments and levels of fertilizer. *Science Asia* 31: 37-41.
- Machikowa, T, P.Laosuwan (2011): Path coefficient analysis for yield of early maturing soybean. *Songklanakarin J. Sci. Technol.* 33 (4): 365-368
- Malen i , ., J. Cveji , J. Miladinovi (2012): Polyphenol content and antioxidant properties of colored soybean seeds from Central Europe. *J. Med. Food*, 15:89-95.
- Mahbub, M.M., M.M. Rahman, M. Hossain, F. Mahmud, M.M. Mir Kabir (2015): Genetic Variability, Correlation and Path Analysis for Yield and Yield Components in Soybean. *American-Eurasian J. Agric. & Environ. Sci.* 15 (2): 231-236.
- Malik, M.F.A., A.S. Qureshi, M. Ashraf and A. Ghafoor (2007): Assessment of genetic variability, correlation and path analysis for yield and its components in soybean. *Pak. J. Bot.*, 39(2), 405-413.

- Malik, M.F.A. (2011): Evaluation of genetic diversity of soybean (*Glycine max* (L.)) genotypes based on agronomic and biochemical traits. Doctoral thesis. Faculty of Biological Sciences, Quaid-i-Azam University, Islamabad, Pakistan.
- Malik, R., H. Sharma, I. Sharma, K. Sushila, V. Ajay, S. Sheoran, R. Kumar, R. Chatrath (2014): Genetic diversity of agro-morphological characters in Indian wheat varieties using GT biplot. *Aust. J. Crop Sci.* 8 (9): 1266-1271.
- Mantel, N.A. (1967): The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer Research* 27: 209-220.
- Mayhew, W.L., C.E. Caviness (1994): Seed quality and yield of early-planted, short-season soybean genotypes. *Agron. J.* 86: 16-19.
- McConnell, R., S. Middlemist, C. Scala, J.E. Strassman, D.C. Queller (2007): An unusually low microsatellite mutation rate in *Dictyostelium discoideum*, an organism with unusually abundant microsatellites. *Genetics* 177: 1499-1507.
- Meier, U. (1997): BBCH-Monograph. Growth stages of plants – Entwicklungsstadien von Pflanzen – Estadios de las plantas – Développement des Plantes. Blackwell Wissenschaftsverlag, Berlin und Wien.
- Messmer, M.M., A.E. Melchinger, J. Boppenmaier, R.G. Herman, E. Brunklaus-Jung (1992): RFLP analysis of early-maturing European maize germplasm. *Theor. Appl. Genet.* 82 (8): 1003-1012.
- Meulman, J. J., W.J. Heiser (2001): SPSS Categories 11.0. SPSS Inc. <http://gliemji.daba.lv/grozs/Datorlietas/SPSS/SPSS%20Categories%2011.0.pdf>
- Michailidis, G., J. De Leeuw (1998): The Gifi System of Descriptive Multivariate Analysis. Statistical Science. Published by: Institute of Mathematical Statistics, University of California, LA, USA. 13(4): 307-336.
- Mikel, M.A., B.W. Diers, R.L. Nelson, H.H. Smith (2010): Genetic diversity and agronomic improvement of North American Soybean Germplasm. *Crop Sci.* 50: 1219-1229.
- Miladinovi, J. (1999): Genetska dobit kao pokazatelj efikasnosti tri razli ita metoda selekcije soje (*Glycine Max* (L.) Merr.). Doktorska disertacija, Univerzitet u Novom Sadu, Poljoprivredni fakultet

- Miladinovic, J., H. Kurosaki, J.W. Burton, M. Hrustic, D. Miladinovic (2006a): The adaptability of shortseason soybean genotypes to varying longitudinal regions. *Europ. J. Agronomy* 25: 243-249.
- Miladinovi , J., M. Hrusti , M. Vidi , V. or evi (2006b): Trideset godina oplemenjivanja soje u Nau nom institutu za ratarstvo i povrtarstvo u Novom Sadu. *Zbornik radova*, 42: 297-316.
- Miladinovi , J., V. or evi (2011): Soybean morphology and stages of development. U: Miladinovi , J., Hrusti , Milica, Vidi , M. (ed): Soybean. Institute of Field and Vegetable Crops, Novi Sad and Sojaprotein, Be ej, Grafika, Novi Sad. 45-71.
- Miladinovi , J., M. Hrusti , M. Vidi , M., M. Tati (1996): Path coefficient analysis of effect of yield, oil content and the duration of vegetative and reproductive periods on seed protein content in soybean. *Eurosoya* 10: 51-56.
- Mohammadi, S., B. Prasanna (2003): Analysis of genetic diversity in crop plants: Sailable statistical tools and considerations. *Crop Sci.* 43: 1235-1248.
- Mohamadi, R., A. Amri (2011): Graphyc analysis of trait relations and genotype evaluation in durum wheat. *J. Crop Improv.* 25: 680–696.
- Morgante, M., M. Hanafey, W. Powell (2002): Microsatellites are preferentially associated with nonrepetitive DNA in plant genomes. *Nature Genet.* 30:194-200.
- Mulato, B.M., M. Möller, M.I. Zucchi, V. Quecini, J.B. Pinheiro (2010): Genetic diversity in soybean germplasm identified by SSR and EST-SSR markers. *Pesq. Agropec. Bras.* 45 (3):276-283.
- Munger, P., H. Bleiholder, H. Hack, M. Hess, R. Stauss, T. v.d. Boom, E. Weber (1997): Phenological Growth Stages of the Soybean Plant (*Glycine max* (L.) MERR.) – Codification and Description according to the General BBCH Scale – with Figures. *J. Agron. Crop Sci.* 179: 209 - 217.
- Narvel, J.M., W.R. Fehr, W.S. Chu, D. Grant, R.C. Shoemaker (2000): Simple sequence repeat diversity among soybean plant introductions and elite genotypes. *Crop Sci.* 40: 1452-1458.
- Nelson, R.L. (1996): Inheritance of branching type in soybean. *Crop Sci* 36: 1150-1152.
- Nelson, R.L. (2011): Managing self-pollinated germplasm collections to maximize utilization. *Plant Gen. Resour.: Characterization and Utilization*, 9: 123-132.

- Odong, D., J. van Heerwaarden, J. Jansen, T. van Hintum, F. van Eeuwijk (2011): Determination of genetic structure of germplasm collections are traditional hierarchical clustering methods appropriate for molecular marker data? *Theor. Appl. Genet.* 123: 195-205.
- Oide, M., S. Ninomiya (2000): Discrimination of soybean leaflet shape by neural networks with image input. *Comput. Electron. in Agric.* 29: 59-72.
- Oliveira, M.F., R.L. Nelson, I.O. Geraldi, C.D. Cruz, J.F.F. Toledo (2010): Establishing a soybean germplasm core collection. *Field Crops Res.* 119: 277–289
- Orf, J.H., B.W. Diers, H.R. Boerma (2004): Genetic improvement: Conventional and molecular-based strategies. U: Boerma, H.R., J.E. Specht (ed): *Soybeans: Improvement, production and uses*. 3rded. ASSA, CSSA, SSA, Madison, 417-450.
- Palmer, R.G., T.W. Pfeiffer, G.R. Buss, T.C. Kilen (2004): Qualitative genetics. U: Boerma, H.R., J.E. Specht (ed) *Soybeans: Improvement, Production, and Uses*. 3rd edition. Madison, ASSA, CSSA, SSA. Madison, WI. 137-233.
- Palmer, R.G., R.C. Shoemaker, A.J. Severin (2011): Soybean genetics. U: Miladinovi , J., M. Hrusti , M. Vidi (ed) *Soybean*. Institute of Field and Vegetable Crops, Novi Sad and Sojaprotein, Be ej, AMB Grafika, Novi Sad. 72-119.
- Palomeque, L., L.L. Jun, W. Li, B. Hedges, E.R. Cober, I. Rajcan (2009): QTL in mega-environments: II. Agronomic trait QTL co-localized with seed yield QTL detected in a population derived from a cross of high-yielding adapted & high-yielding exotic soybean lines. *Theor. Appl. Genet.* 119: 429–436
- Pathan, S.M., T. Vuong, K. Clark, J.D. Lee, J.G. Shannon, C.A. Roberts, M.R. Ellersieck, J.W. Burton, P.B. Cregan, D.L. Hyten, H.T. Nguyen, D.A. Sleper (2013): Genetic Mapping and Confirmation of Quantitative Trait Loci for Seed Protein and Oil Contents and Seed Weight in Soybean. *Crop Sci.* 53: 765-774.
- Panthee, D.R., V.R. Pantalone, D.R. West, A.M. Saxton, C. E. Sams (2005): Quantitative trait loci for seed protein and oil concentration, and seed size in soybean. *Crop Sci.* 45: 2015–2022.
- Parsons, B.J., H.J. Newbury, M.T. Jackson (1999): The genetic structure and conservation of aus, aman and boro rices from Bangladesh. *Genet. Resour. Crop Evol.* 46: 587-59

- Pedersen, P., J.G. Lauer (2004): Response of Soybean Yield Components to Management System and Planting Date. *Agron. J.* 96: 1372–1381.
- Peng, J.H., D. Sun, E. Nevo (2011): Domestication evolution, genetics and genomics in wheat. *Mol. Breed.* 28: 281–301.
- Peregrine, E.K., G.L. Sprau, C.R. Cromeens, P. Handly, T.C. Kilen, J.R. Smith, D.A. Thomas, Jo Dean Sarins, R.L. Nelson (2008): Evaluation of the USDA Soybean Germplasm Collection: Maturity Group V (FC 30265-PI 612614) and Maturity Groups VI-VIII (PI 416758-PI 606432B). *USDA Tech. Bull.* 1920
- Peri, V., A. Nikoli, V. Babi, A. Sudari, M. Srebri, V. Koraćević, S. Mladenović-Drini (2014): Genetic relatedness of soybean genotypes based on agromorphological traits and RAPD markers. *Genetika* 46 (3): 839-854.
- Peri, V., A. Nikoli, S. Mladenović-Drini, N. Kravić, D. Koraćević (2012): Characterization of soybean varieties based on protein and oil content. *Proceedings. International Conference on BioScience: Biotechnology and Biodiversity – Step in the Future – The Forth Joint UNS-PSU Conference*, Novi Sad, June 18-20. 2012.
- Peri, V., V. Dragićević, A. Nikoli, M. Srebri, S. Mladenović-Drini (2013): Variation of protein and oil content in MRIZP soybean varieties influenced by seasonal conditions. *Book of Proceedings. 24th International Scientific-Expert Conference on Agriculture and Food Industry*. Sarajevo, September 25-28, 2013.
- Peri, V. (2009): Varijabilnost agronomskih svojstava kod polusrodničkih familija soje (*Glycine max* (L.) Merrill). *Magistarska teza*. Poljoprivredni fakultet, Univerzitet u Novom Sadu.
- Peri, V., M. Srebri, L.J. Jankuloski, M. Jankulovska, S. Žilić, V. Kandić, S. Mladenović-Drini (2009): The effects of nitrogen on protein, oil and trypsin inhibitor content of soybean. *Genetika*, 41 (2): 137 -144.
- Perry, M.C., M.S. McIntosh (1991): Geographical Patterns of Variation in the USDA Soybean Germplasm Collection: I. Morphological Traits. *Crop Sci.* 31:1350-1355.
- Ping, J., Y. Liu, L. Sun, M. Zhao, Y. Li, M. She, Y. Sui, F. Lin, X. Liu, Z. Tang, H. Nguyen, Z. Tian, L. Qiu, R.L. Nelson, T.C. Clemente, J.E. Specht, J. Ma (2014): Dt2 is a gain-of-function MADS-Domain factor gene that controls semi-determinacy in soybean. *The Plant Cell*. 2831-2842.

- Piper, E.L., K.J. Boote (1999): Temperature and Cultivar Effects on Soybean Seed Oil and Protein Concentrations, *J. Am. Oil Chem. Soc.* 76:1233–1241.
- Popovic, V., M. Vidic, M. Tatic, S. Jaksic, M. Kostic (2012): Effect of cultivar and year on quality components in soybean. *Ratar. Povrt.* 49: 132-139.
- Popovi , V., J. Miladinovi , M. Vidi , M. Tati , V. Sikora, J. Ikanovi , G. Dozet (2013): Productive and Quality Characteristics of Soybean in Agroecological Conditions of Sombor, Serbia. *Ratar. Povrt.* 50 (2): 67-74.
- Powell, W., M. Morgante, C. Andre, M. Hanafey, J. Vogel, S. Tingey, A. Rafalski (1996): The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for genoplasm analysis. *Mol. Breed.* 2 (3): 225-238.
- Priolli, R.H.G., C.T Mendes, N.E. Arantes, E.P.B Contel (2002): Characterization of Brazilian soybean cultivars using microsatellite markers. *Genet.Mol.Biol.* 25:185-193.
- Priolli, R.H.G, J.B. Pinheiro, M.I. Zucchi, M.M. Bajay, N.A. Vello (2010): Genetic diversity among Brazilian soybean cultivars based on SSR loci and pedigree data. *Braz. Arch. Biol. Techn.* 53: 519-531.
- Priolli, R.H.G, P.T. Wysmierski, C.P da Cunha, J.S. Pinheiro, N.A. Vello (2013): Genetic structure and a selected core set of Brazilian soybean cultivars. *Genet. Mol. Biol.* 36: 382-390.
- Qiu, L.J., L.L. Xing, Y. Guo, J. Wang, S.A. Jackson, R.Z. Chang (2013): A platform for soybean molecular breeding: the utilization of core collections for food security. *Plant Mol. Biol.* 83:41–50.
- Qiu, Li-J., P.Y. Chen, Z.X Liu, Y.H. Li, R.X. Guan, L.H. Wang, R.Z. Chang (2011): The worldwide utilization of the Chinese soybean germplasm collection. *Plant Genet. Resour. : Characterization and Utilization*, 9: 109-122.
- Qiu, LJ, S.M. Wang, R.Z. Chang (2007): Catalogues of Chinese Soybean Cultivar (1993–2004). Beijing: China Agricultural Press.
- R Core Team (2015): R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
- Rajput, M.A., Sarwar, G., Tahir, K.H. (1987): Variability for some quantitative traits in soybean. *Soybean Genet. Newslett.* 13: 87-92.

- Raper, C.D., P.J. Kramer (1987): Stress physiology. U: J.R. Wilcox (ed) Soybeans: Improvement, production, and uses. 2nd ed. ASA, CSSA and SSSA. Madison, WI. 589–641.
- Rao, M.S.S., B.G. Mullinix, M. Rangappa, E. Ceibert, A.S. Bhagsari, V.T. Sapra, J.M. Joshi, R.B. Dadson (2002): Genotype x environment interactions and yield stability of food-grade soybean genotypes. *Agron. J.* 94: 72-80.
- Ramteke, R., V. Kumar, P. Murlidharan, D.K. Agarwal (2010): Study on genetic variability and traits interrelationship among released soybean varieties of India [*Glycine max* (L.) Merrill]. *Electronic Journal of Plant Breeding* 1(6): 1483-1487.
- Ramteke, R., P. Murlidharan (2012): Characterization of soybean (*Glycine max*) varieties as per DUS guidelines. *Indian J. Agr. Sci.* 82(7): 572-577.
- Ray, J.D., F.B. Fritschi, L.G. Heatherly (2006): Large applications of fertilizer N at planting affects seed protein and oil concentration and yield in the Early Soybean Production System. *Field Crops Res.* 99: 67–74.
- Rebourg, C., B. Gouesnard, A. Charcosset (2001): Large scale molecular analysis of traditional European maize populations. Relationships with morphological variation. *Heredity* 86: 574–587.
- Reinprecht, Y., V.W. Poysa, K. Yu, I. Rajcan, G.R. Ablett, K. Peter Pauls (2006): Seed and agronomic QTL in low linolenic acid, lipoxygenase-free soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) germplasm. *Genome* 49: 1510–1527.
- Repinski, S.L., M. Kwak, P. Gepts (2012): The common bean growth habit gene *PvTFL1y* is a functional homolog of *Arabidopsis TFL1*. *Theor. Appl. Genet.* 124:1539–1547.
- Ribaut, J.M., M.C. Vicente, X. Delannay (2010): Molecular breeding in developing countries: challenges and perspectives. *Curr. Opin. Plant Biol.* 13: 1-6.
- Ristova, D., H. Šar evi , S. Šimon, L. Mihajlov, I Peji (2010): Genetic diversity in southeast European soybean germplasm revealed by SSR markers. *Agriculturae Conspectus Scientificus* 75: 21-26.
- Rode, M.W, R.L. Bernard (1975a): Inheritance of bullate leaf. *Soybean Genet. Newslett.* 2: 44-46.
- Rode, M.W, R.L. Bernard (1975b): Inheritance of wavy leaf. *Soybean Genet. Newslett.* 2: 42-44.

- Rohlf, F.J. (2009): NTSYSpc: Numeical Taxonomy System. ver. 2.21c. Exeter Software. Setauket, New York.
- Roldan-Ruiz, I., F.A. van Eeuwijk, T.J. Gilliland, P. Dubreuil, C. Dillmann, J. Lallemand, M. De Loose, C.P. Baril (2001): A comparative study of molecular and morphological methods of describing relationships between perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.) varieties. *Theor. Appl. Genet.* 103: 1138–1150
- Rotundo, J.L., M.E., Westgate (2009): Meta-analysis of environmental effects on soybean seed composition. *Field Crops Res.* 110(2): 147-156.
- Samonte, S.O.P.B., R.E. Tabien, L.T. Wilson (2013): Parental selection in rice cultivar improvement. *Rice Sci.* 20(1): 45-51.
- Sebastian, S.A., L.G. Streit, P.A. Stephens, J.A. Thompson, B.R. Hedges, M.A. Fabrizius, J.F. Soper, D.H. Schmidt, R.L. Kallem, M.A. Hinds, L. Feng, J.A. Hoeck. (2010): Contextspecific marker-assisted selection for improved grain yield in elite soybean populations. *Crop Sci.* 50: 1196-1206.
- Sebolt, A.M., Shoemaker R. C., Diers B. W. (2000): Analysis of a quantitative trait locus allele from wild soybean that increases seed protein concentration in soybean. *Crop Sci.* 40: 1438–1444.
- Setiyono, T.D., A. Weiss, J. Specht, A.M. Bastidas, K.G. Cassman, A. Dobermann (2007): Understanding and modeling the effect of temperature and daylength on soybean phenology under high-yield conditions. *Field Crops Res.* 100: 257–271.
- Seversike, T.M. (2011): Drought tolerance mechanisms in cultivated and wild soybean species. Doctoral dissertation, North Carolina State University
- Shannon, C.E., W. Weaver (1949): *The Mathematical Theory of Communication*. Univ. Illinois Press, Urbana.
- Shi, A., P. Chen, B. Zhang, A. Hou (2010): Genetic diversity and association analysis of protein and oil content in food-grade soybeans from Asia and the United States. *Plant Breed.* 129: 250–256
- Shurtleff, W., A. Aoyagi (2010): *History of soybeans and soyfoods in Canada (1831-2010) – Extensively annotated bibliography and sourcebook*. Soyinfo Center.
- Singh, R.J., T. Hymowitz (1999): Soybean genetic resources and crop improvement. *Genome* 42: 605-616.

- Singh, R.K., V.S. Bhata, K.V. Bhat, T. Mohapatra, N.K. Singh, K.C. Bansal, K.R. Koundal (2010): SSR and AFLP based genetic diversity of soybean germplasm differing in photoperiod sensitivity. *Genet. Mol. Biol.* 33(2): 319-324.
- Singh, R.J., K.P., Kollipara, T. Hymowitz (1993): Backcross (BC₂-BC₄) -derived fertile plants from *Glycine max* and *Glycine tomentella* intersubgeneric hybrid. *Crop Sci.* 33: 1002-1007.
- Singh, S.P., J.A. Gutierrez, A. Molina, C. Urrea, P. Gepts (1991): Genetic diversity in cultivated common bean: II Marker-based analysis of morphological and agronomic traits. *Crop Sci.* 3: 23-29.
- Smýkal, P., J. Horáček, R. Dostálová, M. Hýbl (2008): Variety discrimination in pea (*Pisum sativum* L.) by molecular, biochemical and morphological markers. *J. Appl. Genet.* 49(2): 155-166.
- Sneller, C.H., R.L. Nelson, T.E. Carter Jr., Z. Cui (2005): Genetic Diversity in Crop Improvement: The soybean experience. *J. Crop Improv.* 14(1): 103-144.
- Sokal, R.R., C.D. Michener (1958): A statistical method for evaluating systematic relationships. *Univ. Kans. Sci. Bull.* 38: 1409-1438.
- Soldati, A. (1995): Soybean (*Glycine max* L. Merr.). U: Diepenbrock, W., H.C. Becker (ed): *Physiological Potentials for Yield Improvement of Annual Oil and Protein Crops. Advances in Plant Breeding 17. Suppl. to Plant Breed.* Blackwell Wissenschafts – Verlag Berlin, 169-217.
- Song, Q.J., L.F. Marek, R.C. Shoemaker, K.G. Lark, V.C. Concibido, X. Delannay, J.E. Specht, P.B. Cregan (2004): A new integrated genetic linkage map of the soybean. *Theor. Appl. Genet.* 109: 122–128.
- Song, Q., G. Jia, Y. Zhu, D. Grant, R.T. Nelson, E.-Y., Hwang, D.L. Hyten, P.B. Cregan (2010): Abundance of SSR motifs and development of candidate polymorphic SSR markers (BARCSOYSSR_1.0) in soybean. *Crop Sci.* 50: 1950-1960.
- SoyBase (2015): SoyBase Soybean breeder's toolbox. <http://www.soybase.org>
- Souza, E., M.E. Sorells (1991a): Relationships among 70 North American oat germplasms: I Cluster analysis using quantitative characters. *Crop Sci* 31:599-605.
- Souza, E., M.E. Sorells (1991b): Relationships among 70 North American oat germplasms: I Cluster analysis using qualitative characters. *Crop Sci* 31: 605-612.

- Specht, J.R., K. Chase, M. Macrander, G.L. Graef, J. Chung, J. Markwell, M. Germann, J.H. Orf, K.G. Lark (2001): Soybean response to water. *Crop Sci.* 42: 493-509.
- Specht, J.E., J.H. Williams, W.J. Kenworthy, J.H. Orf, D.G. Hiesel, S.K. St.Martin (1985): Registration of SG1 soybean germplasm. *Crop Sci.* 25: 717-718.
- Spillane, C., P. Gepts (2001): Evolutionary and genetic perspectives on the dynamics of crop gene pools. u : H. D. Cooper, C. Spillane, T. Hodgkin (eds): *Broadening the Genetic Base of Crop Production*. CAB International, Wallingford, UK. 25-70.
- Srebri , M. (2013): Oplemanjivanje soje ukrštanjem u punom srodstvu u cilju pove anja prinosa zrna. Univerzitet u Beogradu, Poljoprivredni fakultet. Doktorska disertacija.
- Stupar, R.M. (2010): Into the wild: the soybean genome meets its undomesticated relative *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 107: 21947– 21948.
- Sudar, R., Z. Jurkovi , M. Vratari , A. Sudari , T. Duvnjak (2003): Triacylglycerols composition of oil in OS soybean cultivars. *Eur. Food Res. Technol.* 217: 115-119
- Sudaric, A., M. Vratari, I. Rajcan, T. Duvnjak, M. Volenik (2008): Application of molecular markers in parental selection in soybean. *Acta Agron.Hung.* 56:393-398.
- Sudari , A., D. Šimi , M. Vratari (2006a): Characterization od genotype by environment interactions in soybean breeding programmes of southeast Europe. *Plant Breed.* 125: 191-194.
- Sudari , A., M. Vratari , I. Rajcan (2006b): Evaluation of agronomic performance of domestic and exotic soybean germplasm in Croatia. *Poljoprivreda* 12(2): 17-22.
- Suh, S.K., Y. Cho, H.K. Park, R.A. Scott. (2000): Gene action and heritability of leaf and reproductive characteristics in soybean. *Breed. Sci.* 50: 45-51.
- Sun, Y., H. Luan, Z. Qi, D. Shan, C. Liu, G. Hu, Q. Chen (2012): Mapping and Meta-Analysis of Height QTLs in Soybean, *Legume Genomics Genet.* 3(1): 1-7.
- Sun, B., C. Fu, C. Yang, Q. Ma, D. Pan, H.Nian (2013): Genetic Diversity of Wild Soybeans from Some Regions of Southern China Based on SSR and SRAP Markers. *Am. J. Plant Sci.* 4: 257-268.
- Šurlan-Momirovi , G., . Nikoli (1990): Correlation and path analysis in soybean. *Genetika*, 22(3): 165-172.

- Šurlan-Momirovi , G. (1987): Geneti ke i fenotipske korelacije morfoloških i biohemijskih osobina razli itih sorti soje (*Glycine max.* (L.) Merr.). Doktorska disertacija. Univerzitet u Zagrebu, Fakultet poljoprivrednih znanosti.
- Takahashi, R., H. Matsumura, M.E. Oyoo, N.A. Khan (2008): Genetic and linkage analysis of purple-blue flower in soybean. *J. Hered.* 99: 593-597
- Takahashi, R., J.G. Dubouzet, H. Matsumura, K. Yasuda, T. Iwashina (2010): A new allele of flower color gene *W1* encoding flavonoid 3'5'-hydroxylase is responsible for light purple flowers in wild soybean *Glycine soja*. *BMC Plant Biology*, 10:155 doi:10.1186/1471-2229-10-155
- Tamura, K., J. Dudley, M. Nei, S. Kumar (2007): MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Mol. Biol. Evol.* 24:1596-1599.
- Tanksley, S.D, S.R. McCouch (1997): Seed banks and molecular maps: Unlocking genetic potential from the wild. *Science* 277 (5329): 1063-1066.
- Tantasawat, P., J. Trongchuen, T. Prajongjai, S. Jenweerawat, W. Chaowiset (2011): SSR analysis of soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) genetic relationship and variety identification in Thailand. *Aust. J Crop Sci.* 5(3): 283-290.
- Taski-Ajdukovic, K., V. Djordjevic, M. Vidic, M. Vujakovic (2010): Subunit composition of seed storage proteins in high protein soybean genotypes. *Pesq. Agropec. Bras., Brasilia*, 45 (7): 721-729.
- Tavaud-Pirra, M., P. Sartre, R. Nelson, S. Santoni, N. Texier, P. Roumet (2009): Genetic Diversity in a Soybean Collection. *Crop Sci*, 59(3): 895-902.
- Todd, J.J., L.O. Vodkin (1993): Pigmented soybean (*Glycine max*) seed coats accumulate proanthocyanidins during development. *Plant Physiol.* 102: 663-670.
- Tóth, G., Z. Gáspári, J. Jurka (2000): Microsatellites in different eukaryotic genomes: Survey and analysis. *Genome Res.* 10: 967-981.
- Torres, A.R., A.K. Grunvald, T.B. Martins, M.A. dos Santos, N.G. Lemos, L.A.S. Silva, M. Hungria (2015): Genetic structure and diversity of a soybean germplasm considering biological nitrogen fixation and protein content. *Sci. Agric.* 72: 47-52.
- Turnipseed, S.G. (1977): Influence of trichome density on populations of small phytophagous insects on soybean. *Environ. Entomol.* 6: 815-817.
- Ude, G.N., W.J. Kenworthy, J.M. Costa, P.B. Cregan, J.Alvernaz (2003): Genetic Diversity of Soybean Cultivars from China, Japan, North America, and North

- American Ancestral Lines Determined by Amplified Fragment Length Polymorphism. *Crop Sci.* 43: 1858–1867.
- Ugrenovi , V. (2013): Uticaj vremena setve i gustine useva na ontogenezu, prinos i kvalitet zrna krupnika (*Triticum spelta* L.). Doktorska disertacija, Univerzitet u Beogradu, Poljoprivredni fakultet.
- Upadhyaya, H.D., R. Ortiz, P.J. Bramel, S. Singh (2002): Phenotypic diversity for morphological and agronomic characteristics in chickpea core collection. *Euphytica* 123: 333–342.
- UPOV (1998): TG/80/6 Guidelines for the conduct of tests for distinctnes, uniformity and stability : Soya Bean (*Glycine max* (L) Merr.)
- UPOV (2002): BMT/36/10/ Progress report of the 36th session of the Technical Comittee, the Technical Working Parties and Working Group on biochemical and molecular techniques and DNA-profiling in particular. Genewa, Switzerland.
- UPOV (2012): TG 120/4 Guidelines for the conduct of tests for distinctness, uniformity and stability: Durum Wheat (*Triticum turgidum* L. subsp. durum (Desf.) Husn.)
- UPOV (2009): TG/2/7 Guidelines for the conduct of tests for distinctness, uniformity and stability: Zea mays L.
- USDA, ARS, National Genetic Resources Program. *Germplasm Resources Information Network - (GRIN)*. [Online Database] National Germplasm Resources Laboratory, Beltsville, Maryland. <http://www.ars-grin.gov.4/cgi-bin/npgs/html/crop.pl?51> (prostup jun 2015)
- Vaughan, D.A., E. Balazs, J.S. Heslop-Harrison (2007): From crop domestication to super-domestication. *Ann. Bot.* 100: 893–901.
- Van Inghelandt, D., A.E. Melchinger, C. Lebreton, B. Stich (2010): Population structure and genetic diversity in a commercial maize breeding program assessed with SSR and SNP markers. *Theor. Appl. Genet.* 120: 1289-1299.
- Vavilov, N.I. (1992): Origin and geography of cultivated plants. Cambridge University Press, London, UK.
- Vratari , M., A. Sudari (2008): Soja (*Glycine max* (L) Merr.). Poljoprivredni institut, Osijek, Hrvatska.
- Vratari , M. (1986): Proizvodnja soje, NIRO Zadrugar, Sarajevo. 71-80.

- Villalobos-Rodriguez, E. (1983): Response of soybean stem termination types to water stress and supplemental irrigation. Doctoral dissertation. Iowa State University.
- Voldeng, H.D., E.R. Cobber, D.J. Hume, C. Gillard, M.J. Morrison (1997): Fifty-eight years of genetic improvement of short season soybean cultivars in Canada. *Crop Sci.* 37: 428-431
- Vollmann, J., C.N. Fritz, H. Wagentristl, P. Ruckenbauer (2000a): Environmental and genetic variation of soybean seed protein content under Central European growing conditions. *J. Sci. Food Agric.* 80(9): 1300–1306.
- Vollmann, J., J. Winkler, C.N. Fritz, H. Grausgruber, P. Ruckenbauer (2000b): Spatial field variations in soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) performance trials affect agronomic characters and seed composition. *Eur. J. of Agron.* 12: 13-22.
- Vollmann, J., H. Grausgruber, G. Stift, V. Dryzhyruk, T. Leley (2005): Genetic diversity in canelin germplasm as revealed by seed quality characteristics and RAPD polymorphism. *Plant Breed.* 124: 446-453.
- Vu, D.T., K.H. Baek, L.T. Nghia, E. Park (2013): Characterizing morphological traits and estimating genetic relationship for intermediate soybean collected from South Korea. *Plant Breed.* 132: 324-329.
- Wang, D., G.L. Graef, A.M. Procopiuk, B.W. Diers (2004): Identification of putative QTL that underlie yield in interspecific soybean backcross populations. *Theor. Appl. Genet.* 108: 458-467.
- Wang, L., Y. Guan, R. Guan, Y. Li, Y. Ma, Z. Dong, X. Liu, H. Zhang, Y. Zhang, Z. Liu, R. Chang, H. Xu, L. Li, F. Lin, W. Luan, Z. Yan, X. Ning, L. Zhu, Y. Cui, R. Piao, Y. Liu, P. Chen, L. Qiu. (2006a): Establishment of Chinese soybean (*Glycine max*) core collections with agronomic traits and SSR markers. *Euphytica* 151: 215–223
- Wang, L., R. Guan, L. Zhangxiong, R. Chang, L. Qiu (2006b): Genetic diversity of Chinese cultivated soybean revealed by SSR markers. *Crop Sci.* 46: 1032-1038
- Wang, L.X., R.X. Guan, Y.H. Li, F.Y. Lin, W.J. Luan, W. Li, Y.S. Ma, Z.X. Liu, R.Z. Chang, L.J. Qiu (2008): Genetic diversity of Chinese spring soybean germplasm revealed by SSR markers. *Plant Breed.* 127(1): 56-61.
- Wang, K.J., X.H. LI, J. Liu (2012): Fine-Scale Phylogenetic Structure and Major Events in the History of the Current Wild Soybean (*Glycine soja*) and Taxonomic

- Assignment of Semi-Wild Type (*Glycine gracilis* Skvortz.) within the Chinese Subgenus *Soja*. J. Hered. 103(1): 13-27.
- Wells, R., J.W. Burton, T.C. Kilen (1993): Soybean growth and light interception: response to differing leaf and stem morphology. Crop Sci. 33: 520-524.
- Wilcox, J.R. (1998): Increasing seed protein in soybean with eight cycles of recurrent selection. Crop Sci. 38: 1536-1540.
- Wilson, R. (2004): Seed composition. U: Stewart, B.A., D.R. Nielsen (ed.) Soybeans: Improvement, production and uses. 3rd ed. ASSA, CSSA, and SSSA, Madison, WI. 621–677.
- Wishnyakova, M., I. Seferova (2013): Soybean genetic resources for the production in the Non-Chernozem zone of the Russian Federation. Legume Perspective 1:7-9.
- Wright, S. (1965): The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. Evolution 19: 395–420.
- Wysmierski, P.T., N.A. Vello (2013): The genetic base of Brazilian soybean cultivars: evolution over time and breeding implications. Genet. Mol. Biol. 36(4): 547-55.
- Xu, Y., H.N. Li, G.J. Li, X. Wang L.G. Cheng, Y.M. Zhang (2011): Mapping quantitative trait loci for seed size traits in soybean (*Glycine max* L. Merr.). Theor. Appl. Genet. 122(3): 581-594.
- Xu, Y. (2010): Molecular plant breeding. CAB International, Wallingford, UK. 152.
- Xu, D.H., J.Z. Gai (2003): Genetic diversity of wild and cultivated soybeans growing in China revealed by RAPD analysis. Plant Breed. 122: 503-506.
- Yaklich, E.W., B. Vinyard, M. Camp, S. Douglass (2002): Analysis of seed protein and oil from soybean northern and southern region uniform tests. Crop Sci. 42:1504-1515.
- Yaklich, E.W., B. Vinyard (2004): A Method to Estimate Soybean Seed Protein and Oil Concentration Before Harvest. J. Am. Oil Chem. Soc. 81(11): 1021-1027.
- Yan, W., N.A. Tinker (2005): An integrated biplot analysis system for displaying, interpreting and exploring genotype×environment interaction. Crop Sci. 45:1004-1016.
- Yan, W., N.A. Tinker (2006): Biplot analysis of multienvironment trial data: Principles and applications. Canad. J. Plant Sci. 86: 623-645.

- Yan, W., J. Fregeau-Reid (2008): Breeding line selection based on multiple traits. *Crop Sci.* 48: 417–423.
- Yan, W., I. Rajcan, (2002): Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Sci.* 42: 11-20.
- Yan, W., I. Rajcan (2003): Prediction of cultivar performance based on single- versus multiple-year tests in soybean. *Crop Science* 43: 549-555.
- Yang, Q, J.L. Wang (1995): The analysis of genetic parameter for different types of soybean by diallel crosses. *Sci. Agric. Sin.* 28: 76–80
- Yang, Z, D. Xin, C. Liu , H. Jiang, X. Han, Y. Sun, Z Qi, G. Hu, Q. Chen (2013): Identification of QTLs for seed and pod traits in soybean and analysis for additive effects and epistatic effects of QTLs among multiple environments. *Mol. Genet. Genomics* 288(12): 651-667.
- Yamanaka, N., H. Sato, Y. Zhenyu, H.X. Dong, L.L. Catelli, E. Binneck, C.A.A. Arias, R.V. Abdelnoor (2007): Genetic relationship between Chinese, Japanese and Brazilian soybean gene pools revealed by simple sequence repeat (SSR) markers. *Genet. Mol. Biol.* 30 (1): 85-88.
- Yang, X, Xu Y, Shah T, Li H, Z. Han, J. Li, J. Yan (2011): Comparison of SSRs and SNPs in assessment of genetic relatedness in maize. *Genetica* 139: 1045-1054.
- Yates, J.L., H. R. Boerma, V.A. Fasoula (2012): SSR-Marker Analysis of the intracultivar phenotypic variation discovered within 3 soybean cultivars. *J. Hered.* 103: 570–578.
- Yoon, M.S., J.W. Ahn, S.J. Park, H.J. Baek, K.N. Park, Y.D. Rho (2000): Geographical patterns of morphological variation in soybean germplasm. *Korean J. Crop Sci.* 45(4): 267-271.
- Yoon, M.S., J. Lee, C.Y. Kim, J.H. Kang, H.J. Baek (2009): DNA profiling and genetic diversity of Korean soybean (*Glycine max* L. Merr.) landraces by SSR markers. *Euphytica* 165: 69-77.
- Yu, J.M., Zhang ZW, Zhu CS, Tabanao DA, et al. (2009). Simulation appraisal of the adequacy of number of background markers for relationship estimation in association mapping. *Plant Genome* 2: 63-77.
- Zhang, M., M.S. Kang, P.F. Reese, J. Harbans, L. Bhardwaj (2005): Soybean cultivar evaluation via GGE biplot analysis. *J. New Seeds* 7: 37–50.

- Zhang, J., Q. Song, P.B. Cregan, R.L. Nelson, X. Wang, J. Wu, G.L. Jiang (2015): Genome-wide association study for flowering time, maturity dates and plant height in early maturing soybean (*Glycine max*) germplasm. *BMC Genomics*. 16: 217 DOI 10.1186/s12864-015-1441-4
- Zhang, W.K., Y.J. Wang, G.Z. Luo, J.S. Zhang, C.Y. He, X.L. Wu et al. (2004): QTL mapping of ten agronomic traits on the soybean (*Glycine max* L. Merr.) genetic map and their association with EST markers. *Theor. Appl. Genet.* 108:1131-1139.
- Zhao, S., F. Zheng, W. He, H. Wu, S. Pan, H.M. Lam (2015): Impacts of nucleotide fixation during soybean domestication and improvement. *BMC Plant Biology* 15 (81) doi: 10.1186/s12870-015-0463-z.
- Zhe, Y., J.G. Lauer, R. Borges, N. de Leon (2010): Effects of Genotype \times Environment Interaction on Agronomic Traits in Soybean. *Crop Sci.* 50: 696–702.
- Zhou, X.A., Y Peng, G.X. Wang, R.Z Chang (1998): Preliminary studies on the centers of genetic diversity and origination of cultivated soybean in China. *Acta Agronomica Sinica* 31: 37–43.
- Zhou, X., T.E. Carter, Z. Cui, S. Miyazaki, J.W. Burton (2000): Genetic base of Japanese soybean cultivars released during 1950 to 1988. *Crop Sci.* 40: 1794-1802.
- Zhou, X., T.E. Carter, Z. Cui, S. Miyazaki, J.W. Burton (2002): Genetic diversity patterns in Japanese soybean cultivars based on coefficient of parentage. *Crop Sci.* 42: 1331-42.
- Žarković, J. (2000): Geneti ka udaljenost genotipova soje (*Glycine max* (L) Merr.). Magistarska teza. Univerzitet u Novom Sadu, Poljoprivredni fakultet.
- Žilić, S., H.G. Akilloğlu, A. Serpen, V. Peri, V. Gökmen (2013): Comparisons of phenolic compounds, isoflavones, antioxidant capacity and oxidative enzymes in yellow and black soybeans seed coat and dehulled bean. *Eur. Food Res. Technol.* 237: 409-418.
- Žilić, S. (1996): Uticaj sadržaja Kunitz tripsin inhibitora na prinos zrna i komponente prinosa soje (*G. max*. L. Merr.). Magistarska teza. Univerzitet u Novom Sadu, Poljoprivredni fakultet

8. PRILOG

Prilog 1. Vizuelne ocene 16 morfoloških deskriptora 90 genotipova soje

R.br	Genotip	bhip	h	tp	bm	nabl	obl	vbl	izbl	bcv	ibm	vels	obs	bsem	ss	bhil	bhfn
1	Progres	1	1	7	1	5	5	1	3	1	1	3	5	1	1	7	2
2	Agassiz	1	1	7	2	5	5	1	1	1	3	3	1	1	2	3	1
3	Evrika	2	3	7	2	5	7	1	3	2	1	3	1	1	2	1	1
4	Gi 291/70-79	2	3	7	1	5	5	3	1	2	3	3	1	3	1	7	2
5	Kabott	1	3	7	2	7	7	3	3	1	1	3	1	1	1	1	1
6	Ljuso	1	3	5	1	7	7	3	1	1	3	3	3	1	1	5	1
7	Maple Arrow	1	1	7	1	5	5	1	3	1	5	3	3	1	2	7	1
8	Maple Presto	1	1	7	1	5	7	1	3	1	5	3	3	3	2	7	1
9	Mini Soja	2	1	7	2	5	5	1	5	2	1	1	3	1	1	1	1
10	Canatto	2	1	7	2	5	7	1	1	2	3	1	3	1	1	1	1
11	PI 180 507	2	3	7	1	7	5	3	3	2	3	3	7	1	1	5	1
12	Korana	1	3	7	1	7	7	3	3	1	5	3	7	1	2	7	2
13	Olima	2	3	5	1	7	7	1	3	2	3	3	1	1	1	7	2
14	Krajina	1	3	7	2	5	7	3	3	1	1	3	3	1	2	1	1
15	FS 2 78	1	3	5	1	5	5	1	3	1	3	3	3	3	2	7	2
16	Afrodita	1	3	7	2	3	5	3	3	1	1	3	3	1	2	1	1
17	Apache	1	3	7	2	7	5	3	1	1	3	3	3	1	2	1	1
18	Atlas	2	3	7	2	5	5	3	5	2	3	3	1	1	1	1	1
19	Aura	2	3	7	2	5	5	1	5	2	1	3	1	1	1	3	2
20	Black Tokio	2	1	7	1	7	7	5	3	2	5	3	3	7	1	15	1
21	Chandor	2	3	5	1	3	7	3	3	2	1	3	5	5	2	13	1
22	Dawson	1	3	7	2	5	5	1	3	1	3	3	5	3	2	1	1
23	Lucija	1	1	3	1	5	7	3	3	1	5	3	3	1	1	11	1
24	F01-484	1	5	7	2	5	5	5	3	1	5	3	3	1	2	3	1
25	Julijana	1	1	7	2	5	7	5	3	1	1	3	3	1	1	13	1
26	Backa	1	1	7	2	5	7	3	3	1	3	3	3	1	2	1	1
27	Issik	2	3	5	2	5	7	3	3	2	3	3	1	3	2	17	1
28	K-1	1	1	7	1	3	5	1	1	1	3	3	5	1	2	7	1
29	K 2 2	2	1	1	2	5	7	5	3	2	3	3	3	1	1	1	1
30	Kanadska 1	2	3	7	1	5	7	1	1	2	3	1	1	5	1	5	1
31	L 1128	2	3	5	1	5	5	1	3	2	3	3	1	1	2	7	1
32	KWS Ilona	1	1	7	2	3	7	1	3	1	1	3	3	1	2	13	1
33	Vita	1	5	7	2	5	5	3	3	1	5	3	3	1	1	9	1
34	Lambert	1	5	7	2	3	5	1	3	1	3	3	5	1	1	3	1
35	Lanka	1	3	3	2	7	7	5	3	1	1	3	5	1	1	11	1
36	OAC Eclipse	1	5	5	1	5	7	3	3	1	5	3	5	1	1	5	1

Prilog 1. (Nastavak)

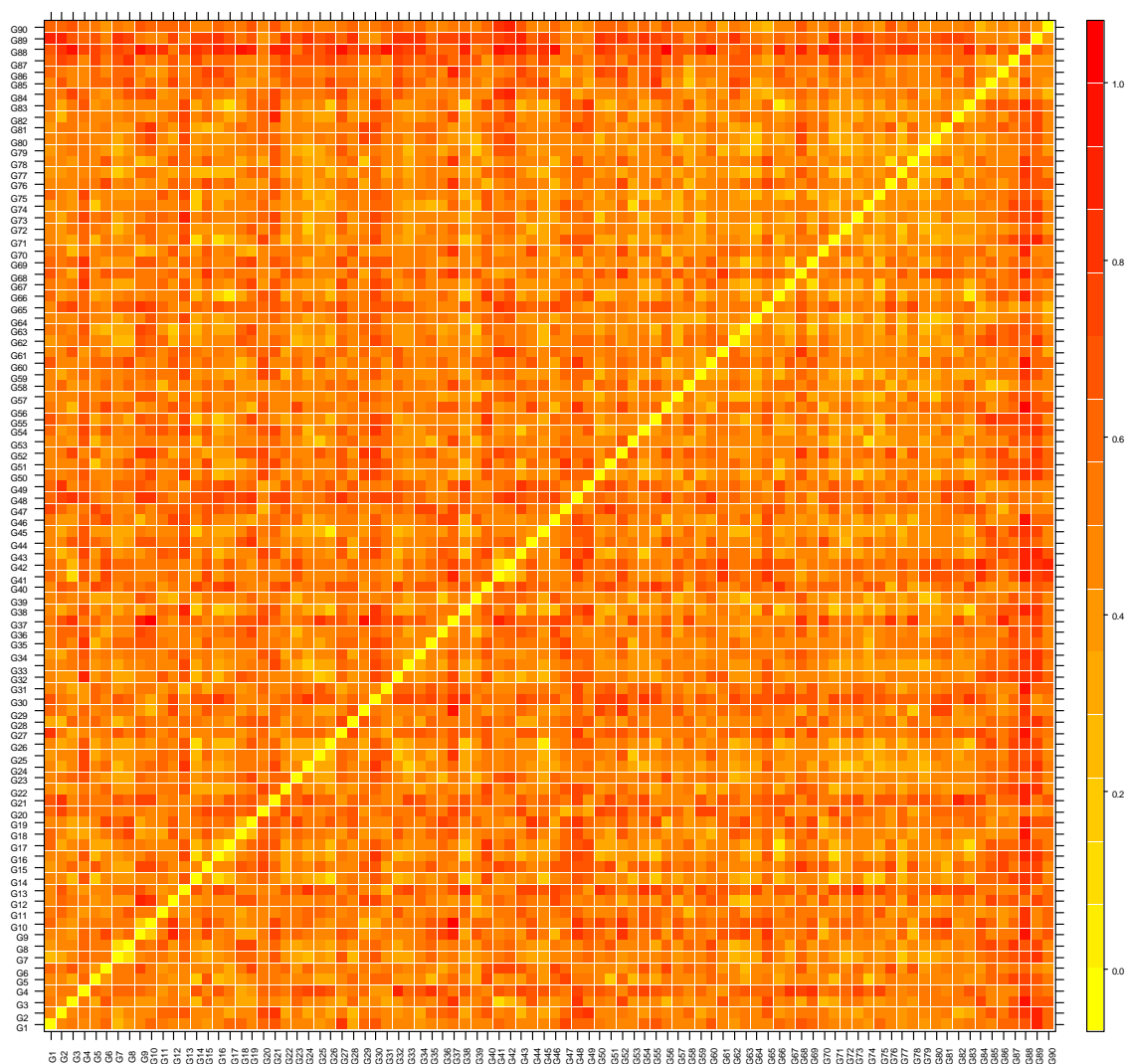
R.br	Genotip	bhip	h	tp	bm	nabl	obl	vbl	izbl	bcv	ibm	vels	obs	bsem	ss	bhil	bhfn
37	L 7/88	1	3	3	1	7	5	3	5	1	5	3	5	3	2	5	2
38	PI 301	1	1	7	2	5	5	3	5	1	1	3	3	1	2	1	1
39	PRW 80	1	3	7	1	5	7	3	3	1	5	3	7	1	1	5	1
40	VNIMK 3895	2	1	1	1	5	5	5	3	2	5	3	7	1	1	5	2
41	Turska 1	2	5	7	2	3	7	1	3	2	1	3	1	1	2	1	1
42	Turska 2	2	5	7	2	3	7	1	3	2	1	3	1	1	2	5	2
43	Am 3	1	1	7	2	3	5	1	5	1	1	3	1	1	2	1	1
44	ZPS 015	1	1	7	1	3	5	5	3	1	3	3	3	5	2	11	1
45	Kolubara	1	1	7	2	5	7	3	3	1	3	3	3	1	2	5	1
46	Balkan	2	1	7	2	5	5	5	5	2	1	3	3	1	2	3	1
47	Chornaja	2	5	7	1	5	7	5	1	2	5	3	3	7	2	15	1
48	Danijela	1	5	1	1	7	7	5	5	1	5	3	7	9	1	7	1
49	Danubian	2	3	5	1	9	7	5	3	2	5	3	5	1	1	15	1
50	Hodgson 78	1	3	7	2	3	5	3	5	1	5	3	5	1	2	5	1
51	Ardin	1	7	7	2	7	5	3	5	1	1	3	1	1	1	1	1
52	Krizia	1	3	5	1	3	5	3	1	1	5	3	3	1	2	7	2
53	OS 101	1	3	7	2	5	7	5	3	1	1	3	7	1	1	3	1
54	Ravnica	1	5	7	2	3	5	5	5	1	5	3	1	1	2	1	1
55	Ika	1	3	7	2	3	7	3	3	1	5	3	3	3	2	1	1
56	Shine	2	3	7	2	5	1	1	5	2	1	3	5	1	2	3	1
57	A 1937	1	3	7	1	5	7	3	5	1	5	3	5	1	2	3	1
58	Laura	2	3	7	1	5	5	5	3	2	1	3	7	1	1	15	1
59	NK 15 50	1	3	7	2	5	5	5	5	1	3	3	5	1	2	11	1
60	Parker	2	3	3	2	5	5	3	5	2	3	3	5	1	2	3	1
61	Brock	1	3	7	1	5	5	5	1	1	3	3	5	3	1	5	1
62	A 3963	1	1	7	1	5	7	3	3	1	5	3	3	1	2	3	2
63	Dekabig	1	3	7	1	7	7	3	3	1	5	3	3	1	2	5	1
64	FS BB	1	3	7	1	5	5	5	5	1	1	3	3	1	2	15	1
65	Gnome	1	3	1	1	9	7	5	5	1	3	3	5	1	1	15	2
66	Harosoy	1	3	7	2	7	5	3	5	1	3	3	3	1	2	1	1
67	HS 302	1	1	7	1	7	7	5	5	1	5	3	3	1	2	1	1
68	Kineska	2	1	1	2	7	7	5	3	2	1	3	1	1	2	9	1
69	Nikko	1	5	7	1	7	7	5	5	1	5	3	3	1	2	5	1
70	Action	2	3	7	2	5	7	1	5	2	1	3	3	1	1	9	1
71	Beauty	1	3	7	2	5	5	3	3	1	1	3	7	1	2	1	1
72	J 4	1	5	7	1	5	5	5	3	1	3	3	3	1	2	15	1
73	Vertex	1	1	7	2	5	5	5	5	1	5	3	5	1	2	5	1
74	Volo a	1	3	7	2	5	7	3	3	1	1	3	5	1	1	3	1
75	Vojvo anka	1	3	7	2	5	7	5	5	1	5	3	3	1	2	1	1
76	Lana	2	1	7	2	5	5	5	3	2	5	3	7	1	1	3	1

Prilog 1. (*Nastavak*)

R.br	Genotip	bhip	h	tp	bm	nabl	obl	vbl	izbl	bcv	ibm	vels	obs	bsem	ss	bhil	bhfn
77	Olga	1	3	7	1	5	5	3	3	1	3	3	3	1	2	7	1
78	Lidija	2	1	7	2	5	5	5	3	2	5	3	3	1	1	1	1
79	Nena	1	3	7	1	5	5	5	3	1	5	3	3	1	1	5	1
80	Zen	1	3	7	1	5	5	3	5	1	5	3	7	1	2	15	1
81	Century	1	3	7	1	5	5	3	3	1	1	3	3	3	2	15	2
82	Corsoy	1	1	7	2	5	5	5	1	1	3	3	7	1	1	1	1
83	KB 231	1	1	7	2	7	5	3	5	1	3	3	3	1	2	1	1
84	Elf	1	3	1	1	7	5	5	5	1	3	3	7	1	1	15	1
85	Hobbit	2	3	1	1	5	5	5	5	2	1	3	5	1	1	15	1
86	Kunitz	2	5	7	1	5	7	5	1	2	3	3	7	1	1	15	1
87	Sprite	2	3	1	1	3	5	5	5	2	3	3	3	1	1	15	2
88	PI 416 892	1	7	3	1	9	7	5	1	1	5	5	7	7	1	15	2
89	Barc 11-X	2	3	9	1	7	7	5	5	2	3	1	3	5	1	15	1
90	Pixie	1	3	1	1	5	7	5	5	1	3	3	3	3	1	15	1

bhip-boja hipokotila, **h**-habitus, **tp**-tip porasta, **bm**-boja malja, **nabl**-naboranost lista, **obl**-oblik bo ne liske, **vbl**-veli ina bo ne liske, **izbl**-intenzitet zelene boje lista, **bcv**-boja cveta, **ibm**-intenzitet boje mahune, **vels**-veli ina semena, **obs**-oblik semena, **bsem**-boja semenja e, **ss**-sjaj semenja e, **bhfn**-boja hilumovog funikla.

Prilog 2. Matrica geneti kih distanci izme u 90 genotipova soje izra unatih prema *simple matching* koeficijentu sli nosti na osnovu morfoloških deskriptora



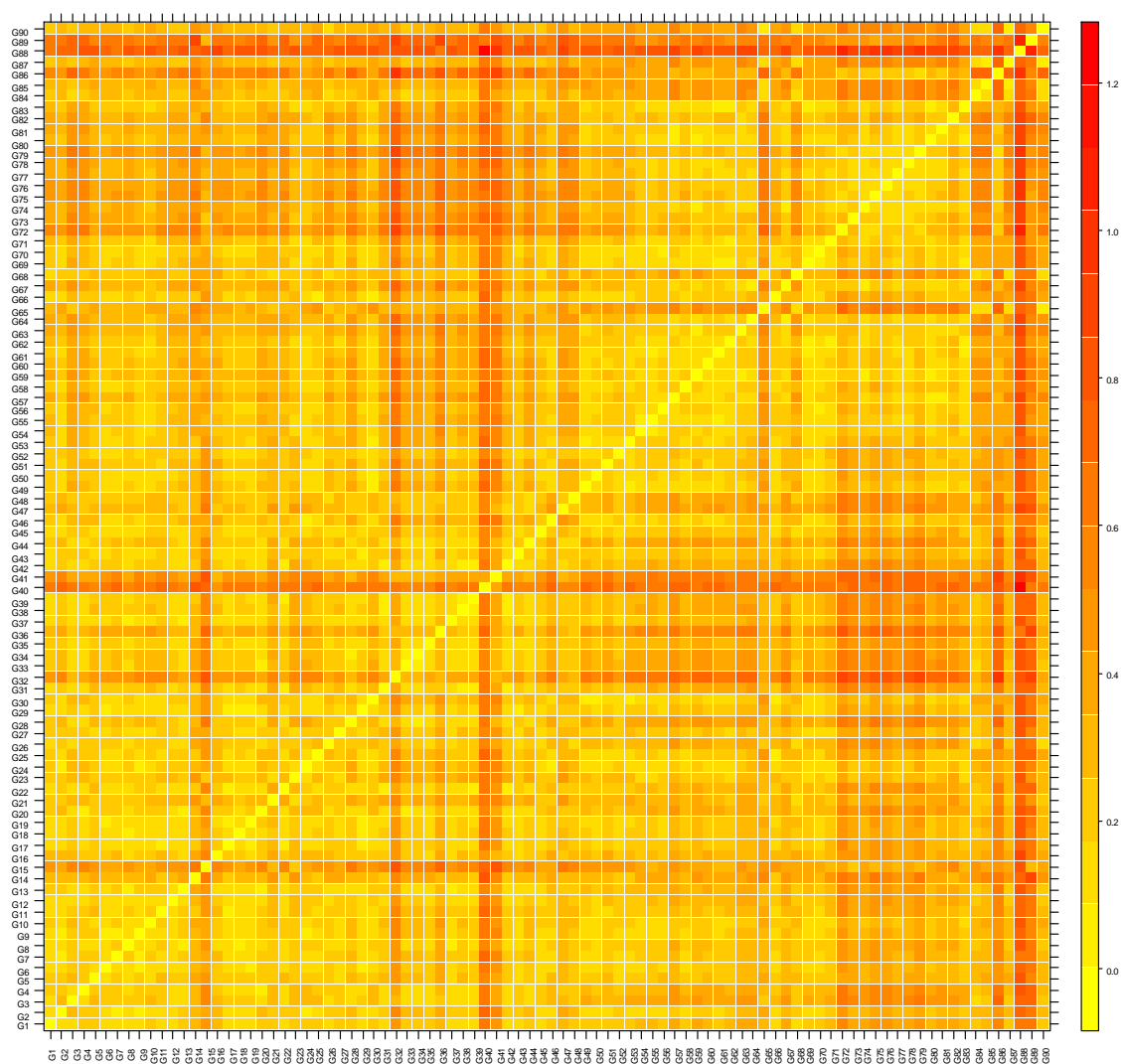
Prilog 3. Vrednosti Akaikeovog informacionog kriterijuma (AIC) za izbor najpogodnijeg mešovitog modela za analizu varijanse 8 agronomskih osobina

Osobina	Model 1	Model 2	Model 3	Model 4
Grupa zrenja 00				
Visina stabla	<u>645.5</u>	689.1	646.9	690.7
Broj nodusa	<u>290.5</u>	299.8	294.8	304.1
Boj mahuna	592.0	623.1	<u>588.8^b</u>	620.4
Broj zrna	773.7	816.8	<u>773.5</u>	816.3
Masa 1000 zrna	764.8	804.4	<u>763.0</u>	802.0
Prinos zrna po bljci	363.1	373.0	<u>359.0</u>	370.0
Sadržaj proteina	296.3	305.1	<u>289.9</u>	297.5
Sadržaj ulja	155.7	157.5	<u>149.5</u>	150.2
Grupa zrenja 0				
Visina stabla	<u>1421.8</u>	1450.9	1424.2	1453.1
Broj nodusa	607.0	<u>606.9</u>	611.4	611.3
Boj mahuna	1400.6	1423.6	<u>1379.7</u>	1409.0
Broj zrna	1796.1	1831.1	<u>1782.7</u>	1817.1
Masa 1000 zrna	1743.3	1785.5	<u>1732.5</u>	1774.1
Prinos zrna po bljci	951.8	961.4	<u>930.5</u>	939.9
Sadržaj proteina	508.7	510.9	<u>496.8</u>	498.1
Sadržaj ulja	283.7	<u>279.4</u>	- ^a	-
Grupa zrenja I				
Visina stabla	815.3	853.6	<u>807.8</u>	841.4
Broj nodusa	<u>372.5</u>	379.8	376.0	382.2
Boj mahuna	<u>682.1</u>	712.7	683.3	713.6
Broj zrna	<u>879.4</u>	921.9	881.0	920.0
Masa 1000 zrna	<u>865.0</u>	898.8	870.3	906.4
Prinos zrna po bljci	<u>467.8</u>	480.5	469.6	479.2
Sadržaj proteina	<u>264.3</u>	265.2	268.3	269.0
Sadržaj ulja	131.0	<u>120.7</u>	133.2	123.0
Grupa zrenja II				
Visina stabla	1031.3	1070.0	<u>1025.4</u>	1063.6
Broj nodusa	497.6	493.6	494.4	<u>490.2</u>
Boj mahuna	998.5	1025.1	<u>985.4</u>	1013.4
Broj zrna	1293.1	1336.5	<u>1281.2</u>	1325.2
Masa 1000 zrna	<u>1188.9</u>	1227.0	1192.8	1231.4
Prinos zrna po bljci	689.2	702.4	<u>680.7</u>	694.7
Sadržaj proteina	308.3	312.3	<u>299.1</u>	302.8
Sadržaj ulja	154.8	153.6	143.9	<u>142.3</u>
Grupa zrenja III				
Visina stabla	<u>278.2</u>	312.4	282.0	315.8
Broj nodusa	<u>129.9</u>	138.2	132.5	140.6
Boj mahuna	298.8	328.7	299.5	311.9
Broj zrna	<u>383.1</u>	435.4	383.8	431.0
Masa 1000 zrna	417.8	467.8	<u>414.5</u>	461.5
Prinos zrna po bljci	236.2	262.1	<u>227.1</u>	248.4
Sadržaj proteina	<u>112.9</u>	124.3	118.3	129.5
Sadržaj ulja	<u>54.5</u>	58.1	56.9	59.9

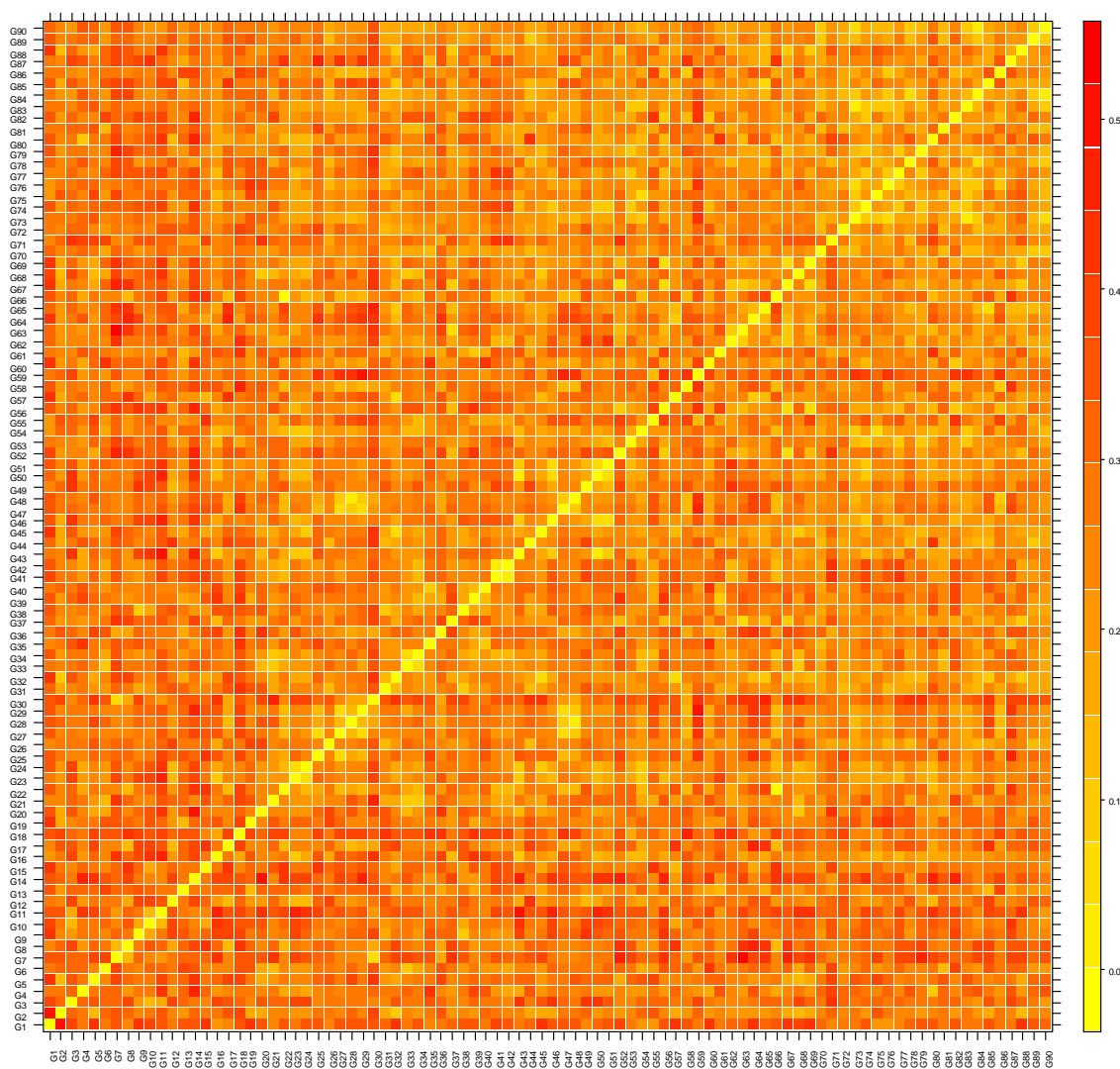
^a model nije konvergirao

^b model sa najmanjom AIC vrednosti se smatra kao najpogodniji

Prilog 4. Matrica Euklidskih udaljenosti izme u 90 genotipova soje na osnovu agronomskih osobina



Prilog 5. Matrica geneti kih distanci izme u 90 genotipova soje izra unatih prema *simple matching* koeficijentu sli nosti na osnovu SSR markera



BIOGRAFIJA

Vesna Perić rođena je 20. oktobra 1975. godine u Sarajevu. Osnovnu školu završila je u Sarajevu a gimnaziju je pohađala u Sarajevu i Beogradu. Školske 1996/97. godine započela je studije na Odseku za ratarstvo, na Poljoprivrednom fakultetu Univerziteta u Beogradu. Diplomirala je 18. januara 2002. godine sa prosečnom ocenom 9,11 u toku studija i ocenom 10 za diplomski rad na temu „Genetički izmijenjene biljke u oplemenjivanju soje“, stekavši zvanje diplomirani inženjer poljoprivrede za ratarstvo.

Septembra 2002. godine započela je volonterski rad u Institutu za kukuruz „Zemun Polje“. Od aprila 2003. do juna 2005. godine bila je stipendista Ministarstva za nauku i tehnologiju Republike Srbije, angažovana u radu Grupe za soju Odeljenja za oplemenjivanje Instituta za kukuruz Zemun Polje, gde je 1. juna 2005. godine primljena u stalni radni odnos. Poslediplomske studije na Poljoprivrednom fakultetu u Novom Sadu, Grupa genetika i oplemenjivanje biljaka, upisala je školske 2002/03. godine. Magistarsku tezu pod naslovom „Varijabilnost agronomskih svojstava kod polusrodničkih familija soje (*Glycine max* (L.) Merrill)“ odbranila je 4. februara 2010. godine i stekla zvanje magistra biotehničkih nauka.

Ilan je Društva selekcionera i semenara Srbije i Društva genetičara Srbije. Trenutno je angažovana na dva projekta Ministarstva prosvete, nauke i tehnološkog razvoja Republike Srbije (TR 31068 i TR 31069).

Do sada je, kao autor ili koautor objavila preko 50 naučnih radova. Koautor je dve sorte soje, selekcionisane u Institutu za kukuruz „Zemun Polje“.

Govori engleski a služi se ruskim jezikom.

Прилог 1.

Изјава о ауторству

Потписани-а Весна Перић
број уписа 1312

Изјављујем

да је докторска дисертација под насловом

„Анализа генетичке дивергентности генотипова соје на основу морфолошких и молекуларних маркера“

- резултат сопственог истраживачког рада,
- да предложена дисертација у целини ни у деловима није била предложена за добијање било које дипломе према студијским програмима других високошколских установа,
- да су резултати коректно наведени и
- да нисам кршио/ла ауторска права и користио интелектуалну својину других лица.

Потпис докторанда

У Београду, 05.10.2015.

Vesna Peric

Прилог 2.

Изјава о истоветности штампане и електронске верзије докторског рада

Име и презиме аутора Весна Перић

Број уписа 1312

Студијски програм Ратарство и повртарство

Наслов рада „Анализа генетичке дивергентности генотипова соје на основу морфолошких и молекуларних маркера“

Ментор

проф. др Гордана Шурлан-Момировић,

Потписани Весна Перић

изјављујем да је штампана верзија мог докторског рада истоветна електронској верзији коју сам предао/ла за објављивање на порталу **Дигиталног репозиторијума Универзитета у Београду**.

Дозвољавам да се објаве моји лични подаци везани за добијање академског звања доктора наука, као што су име и презиме, година и место рођења и датум одбране рада.

Ови лични подаци могу се објавити на мрежним страницама дигиталне библиотеке, у електронском каталогу и у публикацијама Универзитета у Београду.

Потпис докторанда

У Београду, 05.10.2015.

Vesna Perić

Прилог 3.

Изјава о коришћењу

Овлашћујем Универзитетску библиотеку „Светозар Марковић“ да у Дигитални репозиторијум Универзитета у Београду унесе моју докторску дисертацију под насловом:

„Анализа генетичке дивергентности генотипова соје на основу морфолошких и молекуларних маркера“

која је моје ауторско дело.

Дисертацију са свим прилозима предао/ла сам у електронском формату погодном за трајно архивирање.

Моју докторску дисертацију похрањену у Дигитални репозиторијум Универзитета у Београду могу да користе сви који поштују одредбе садржане у одабраном типу лиценце Креативне заједнице (Creative Commons) за коју сам се одлучио/ла.

1. Ауторство
2. Ауторство - некомерцијално
- ☒ 3. Ауторство – некомерцијално – без прераде
4. Ауторство – некомерцијално – делити под истим условима
5. Ауторство – без прераде
6. Ауторство – делити под истим условима

(Молимо да заокружите само једну од шест понуђених лиценци, кратак опис лиценци дат је на полеђини листа).

Потпис докторанда

У Београду, 05.10.2015.

Vesna Peric'

1. Ауторство - Дозвољавање умножавање, дистрибуцију и јавно саопштавање дела, и прераде, ако се наведе име аутора на начин одређен од стране аутора или даваоца лиценце, чак и у комерцијалне сврхе. Ово је најслободнија од свих лиценци.
2. Ауторство – некомерцијално. Дозвољавање умножавање, дистрибуцију и јавно саопштавање дела, и прераде, ако се наведе име аутора на начин одређен од стране аутора или даваоца лиценце. Ова лиценца не дозвољава комерцијалну употребу дела.
3. Ауторство - некомерцијално – без прераде. Дозвољавање умножавање, дистрибуцију и јавно саопштавање дела, без промена, преобликовања или употребе дела у свом делу, ако се наведе име аутора на начин одређен од стране аутора или даваоца лиценце. Ова лиценца не дозвољава комерцијалну употребу дела. У односу на све остале лиценце, овом лиценцом се ограничава највећи обим права коришћења дела.
4. Ауторство - некомерцијално – делити под истим условима. Дозвољавање умножавање, дистрибуцију и јавно саопштавање дела, и прераде, ако се наведе име аутора на начин одређен од стране аутора или даваоца лиценце и ако се прерада дистрибуира под истом или сличном лиценцом. Ова лиценца не дозвољава комерцијалну употребу дела и прерада.
5. Ауторство – без прераде. Дозвољавање умножавање, дистрибуцију и јавно саопштавање дела, без промена, преобликовања или употребе дела у свом делу, ако се наведе име аутора на начин одређен од стране аутора или даваоца лиценце. Ова лиценца дозвољава комерцијалну употребу дела.
6. Ауторство - делити под истим условима. Дозвољавање умножавање, дистрибуцију и јавно саопштавање дела, и прераде, ако се наведе име аутора на начин одређен од стране аутора или даваоца лиценце и ако се прерада дистрибуира под истом или сличном лиценцом. Ова лиценца дозвољава комерцијалну употребу дела и прерада. Слична је софтверским лиценцама, односно лиценцама отвореног кода.